

This Page Is Inserted by IFW Operations  
and is not a part of the Official Record

## **BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning documents *will not* correct images,  
please do not report the images to the  
Image Problem Mailbox.**



## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIEE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup> :  C12Q 1/68		A1	(11) Numéro de publication internationale: <b>WO 99/27132</b>
			(43) Date de publication internationale: 3 juin 1999 (03.06.99)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR98/02501		(81) Etats désignés: JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Date de dépôt international: 23 novembre 1998 (23.11.98)		Publiée <i>Avec rapport de recherche internationale. Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si des modifications sont reçues.</i>	
(30) Données relatives à la priorité: 97/14669 21 novembre 1997 (21.11.97) FR			
(71) Déposants ( <i>pour tous les Etats désignés sauf US</i> ): CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris Cedex 16 (FR). INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE (INRA) [FR/FR]; 147, rue de l'Université, F-75341 Paris Cedex 07 (FR).			
(72) Inventeurs; et			
(75) Inventeurs/Déposants ( <i>US seulement</i> ): ZOOROB, Rima [FR/FR]; 30, chemin de la Croix Biches, F-93160 Noisy-le-Grand (FR). AUFRAY, Charles [FR/FR]; 6, rue du Clos Bourgoin, F-94370 Sucy-en-Brie (FR). CHAUSSEE, Anne-Marie [FR/FR]; L'Aître Barbier, F-37380 Saint Laurent en Gatines (FR).			
(74) Mandataires: PEAUCELLE, Chantal etc.; Cabinet Armengaud Ainé, 3, avenue Bugeaud, F-75116 Paris (FR).			

(54) Title: REAGENTS AND METHODS FOR DETECTING GENES RELATED TO MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX OF DOMESTIC FOWL, SUCH AS CHICKEN

(54) Titre: REACTIFS ET METHODES POUR LA DETECTION DE GENES LIES AU COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITE D'OISEAUX D'ELEVAGE, TELS QUE LE POULET

**(57) Abstract**

The invention concerns nucleic acid molecules for detecting the MHC genes involved in phenomena of resistance or proneness to the development of virus-induced tumours. The primers prepared from said molecules can be used in a method for genotyping domestic fowl, characterised in that it consists in: amplifying a nucleic acid sample derived from the animal under study using one or several pairs of primers capable of being specifically hybridised with the nucleic acid of a pleomorphic region of the Rfp-Y or B systems of the MHC of said fowl; detecting the resulting PCR products.

**(57) Abrégé**

L'invention vise des molécules d'acides nucléiques permettant de détecter ceux des gènes du CMH impliqués dans les phénomènes de résistance ou de susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites. Les amores élaborées à partir de ces molécules sont utilisables dans une méthode de génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet, caractérisée en ce qu'elle comprend : l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amores capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits oiseaux et la détection des produits de PCR obtenus.

**UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION**

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lithuanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce	ML	Mali	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	MN	Mongolie	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MR	Mauritanie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MW	Malawi	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MX	Mexique	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	NE	Niger	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NL	Pays-Bas	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NO	Norvège	YU	Yugoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NZ	Nouvelle-Zélande	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	PL	Pologne		
CM	Cameroun	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CN	Chine	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CU	Cuba	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
CZ	République tchèque	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DE	Allemagne	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
DK	Danemark	LR	Libéria	SG	Singapour		
EE	Estonie						

REACTIFS ET METHODES POUR LA DETECTION DE GENES  
LIES AU COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITE D'OISEAUX  
D'ELEVAGE, TELS QUE LE POULET

5 L'invention a pour objet la détection de gènes liés au complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) d'oiseaux d'élevage, tels que le poulet. A ce titre, elle concerne des molécules d'acides nucléiques permettant de déetecter ceux des gènes du CMH impliqués dans les 10 phénomènes de résistance ou de susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites. L'invention concerne également les applications de ces molécules d'acides nucléiques, notamment pour le développement de tests de génotypage chez les oiseaux d'élevage, en 15 particulier le poulet, et pour la sélection d'animaux d'intérêt.

20 Les maladies virales infectieuses sont redoutées des éleveurs en raison de leur caractère contagieux qui conduit à des pertes importantes 25 d'animaux.

La vaccination a constitué une prophylaxie efficace jusqu'à l'émergence de souches hypervirulentes, 25 rendant nécessaire l'identification des haplotypes résistants.

30 Diverses méthodes ont ainsi été proposées pour tenter de sélectionner ceux des animaux qui sont capables de résister à de telles pathologies et ceux qui sont au contraire susceptibles d'être affectés.

Les techniques les plus utilisées en routine sont basées sur des polymorphismes sérologiques ou de

type RFLP. Toutefois, ces méthodes ne fournissent pas de connaissances précises sur le phénomène de résistance ou de susceptibilité à la maladie, en particulier par manque de caractère discriminant vis-à-vis des gènes des 5 systèmes B ou Rfp-Y du CMH.

Les travaux des inventeurs sur le séquençage de gènes du CMH a montré la complexité génétique de cette 10 région, ce qui les a conduits à prendre en compte un autre type de polymorphisme, à savoir basé sur la séquence de ces gènes et des régions apparentées, telles que celles de leurs promoteurs et des régions microsatellitaires. Les inventeurs ont ainsi mis au point 15 des moyens pour disposer de molécules oligonucléotidiques hautement spécifiques des polymorphismes observés, permettant d'identifier les parties de gènes, et même les sites impliqués dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité au développement de tumeurs.

20 Le caractère spécifique de ces molécules, vis-à-vis d'un gène donné de l'un des systèmes du CMH, en fait des outils discriminants particulièrement fiables pour identifier avec précision la capacité de résistance ou de susceptibilité du poulet étudié, ou d'autres 25 oiseaux, à une infection virale, et pour étudier au niveau moléculaire les séquences du CMH impliquées.

30 L'invention a donc pour but de fournir des molécules d'acides nucléiques permettant de détecter spécifiquement, chez les oiseaux d'élevage et en particulier chez le poulet, les gènes liés au CMH impliqués dans les phénomènes de résistance ou de susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites.

Elle vise également à fournir une méthode et un kit de détection de génotypes de mise en oeuvre aisée en routine.

5 Les molécules d'acides nucléiques de l'invention sont caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules, isolées de leur environnement naturel, d'acides nucléiques de gènes codant pour des protéines impliquées dans le contrôle de la résistance ou de la 10 susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage, telles que celles de la maladie de Marek chez le poulet, avec le cas échéant, les régions qui leur sont attachées, telles que celles du promoteur ou microsatellitaires. Le terme gène tel 15 qu'utilisé dans la description et les revendications englobe ces régions.

20 Ces molécules d'acides nucléiques sont plus spécialement caractérisées en ce qu'elles présentent les séquences d'acides nucléiques de gènes du système B ou du système Rfp-Y du CMH des oiseaux d'élevage, à l'exception 25 des séquences des gènes de classe II B-L, du gène 17.5, du gène 12.3 et du gène B-FIV de classe I, ou sont capables de s'apparier avec l'un des brins d'un gène capable de coder pour une protéine telle que définie ci-dessus dans des conditions faiblement stringentes.

30 L'appariement dans des conditions de faible stringence auquel il est fait référence ci-dessus est réalisé à température ambiante, dans un milieu 0,1 SSC, avec lavage à température ambiante.

Les gènes de classe II B-L sont décrits dans Immunogenetics 31:179-187, 1990 et Eur. J. Immunol, 1993, 23:1139-1145.

5 Le gène 17.5 appartient à la superfamille des gènes codant pour les lectines et le gène 12.3 à la famille des gènes codant pour des protéines liant la guanine (guanine nucleotide-binding protein). Ce gène est décrit dans Immunogenetics 39:221-229, 1994.

10 10 Le gène 12.3 est décrit dans P.N.A.S. USA, vol. 86, 4594-4598, juin 1989, Genetics.

15 15 Le gène B-FIV de classe I est décrit dans Immunogenetics 31:405-409, 1990.

20 L'invention vise notamment les molécules d'acides nucléiques répondant à ceux des enchaînements de l'un des gènes suivants :

20 . enchaînement du système Rfp-Y

B-FV (figure 1), B-F VI (figure 2) ;

. enchaînement du système B,

25 25 8.4 génomique (figure 3) ; B-F I (figure 4) ; C12.1 (figure 5) ; DM (figure 6) ; TAP1 (du début de l'exon 2 à l'extrémité 3') (figure 7) ; et TAP2G (figure 8), et autres gènes compris dans la figure 10 et suites 1 à 35.

30 30 L'étude des séquences d'acides nucléiques des molécules définies plus haut a permis de repérer avec précision les blocs de polymorphismes qui doivent être détectés pour établir un génotypage fiable et précis.

En comparant les séquences de ces blocs, provenant de différents gènes d'un même haplotype ou d'un même gène de différents haplotypes, les inventeurs ont pris en considération les enchaînements divergents et élaboré, pour chaque gène, des oligonucléotides complémentaires de ces enchaînements divergents.

On dispose ainsi d'amorces spécifiques et discriminantes vis-à-vis d'un gène donné du système B ou du système Rfp-Y.

L'invention vise tout spécialement les molécules d'oligonucléotides correspondant à ces enchaînements et comprenant une partie de la région polymorphe des systèmes du CMH du poulet ou autres oiseaux d'élevage.

On rappelle que la région polymorphe peut être dans le gène ou dans une région apparentée telle que les régions microsatellitaires ou celle du promoteur.

Selon un mode de réalisation de l'invention, les polymorphismes sont liés à la fonction des systèmes du CMH.

Il s'agit ainsi avantageusement de molécules correspondant à une partie d'un exon. On citera à titre d'exemple des molécules correspondant à l'exon 2 (domaine  $\alpha$  1) des gènes YF du poulet. Un couple d'amorces approprié est constitué par :

30

Y-F VI  $\alpha$  1 : GGCCCCGGGATGCCGCGGTT  
Y-F VI  $\alpha$  1, R : ATCCGCTCACCGCCCTGG

5 Selon un autre mode de réalisation de l'invention, les molécules oligonucléotidiques correspondent à une partie d'une région polymorphe qui n'est pas liée à la fonction des systèmes du CMH. Des régions préférées de ce type sont des microsatellites.

En considérant par exemple, le gène B-FI, des molécules d'oligonucléotides utilisables pour constituer des couples d'amorces correspondent aux enchaînements suivants :

10 B-FI : 5' CCA GCA GTC ACT GCA CAT AT 3'  
B-FI, R : 5' AGG TGG AGT GCG CAA AGT T 3', et  
12.1 : 5' ACA CGC AGC AGA ACT TGG TAA 3'  
12.1 R : 5' GGA AGG AAG ACC TTG GAA 3'

15 20 Avec les molécules oligonucléotidiques définies ci-dessus et celles élaborées à partir de gènes connus, mais selon la démarche de l'invention, on dispose de jeux d'amorces hautement spécifiques, permettant de déterminer avec précision l'haplotype de l'animal à étudier et de détecter s'il est résistant au développement de tumeurs viro-induites, ou au contraire susceptible d'être affecté.

25 L'invention vise donc également une méthode de génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet.

Cette méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend

30 - l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amorces capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits oiseaux,

et

- la détection des produits de PCR obtenus.

Une simple comparaison des résultats obtenus avec un référentiel établi au préalable permet de 5 déterminer rapidement l'haplotype de l'animal.

L'échantillon d'acide nucléique est constitué en particulier par de l'ADN génomique extrait de matériel biologique de l'animal à étudier ou par ce matériel même, en particulier par du sang de l'animal. Il peut s'agir en 10 variante d'ADNc, d'ARN ou encore de PNA (polypeptides nucleic acids).

Les amorces sont élaborées à partir des molécules oligonucléotidiques définies ci-dessus et, 15 d'une manière générale, de tout gène (et région apparentée) codant pour une protéine impliquée dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité aux tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage et notamment de poulet, en particulier les gènes B-L de 20 classe II, 17.5, 12.3 et B-FIV de classe I.

Il s'agit par exemple d'amorces de régions microsatellitaires permettant de détecter des haplotypes du complexe B, telles que celles élaborées à partir du gène B-FI, et évoquées ci-dessus, ou d'amorces permettant 25 de détecter des haplotypes du système RFp-Y, et élaborées à partir du gène 17.5, comme le couple :

17.52 : CAG GAT CTG CAC TGG CCA ATA

30

17.5, R1 : GAA TGG CGG TGC TTC CGT GCC TGG

La détection des produits de PCR est effectuée selon les techniques classiques. Ces techniques

comprennent le séquençage, l'électrophorèse, les hybridations avec analyse SSOP ou SSCP.

5 Cette technique sera avantageusement choisie selon la nature du polymorphisme impliqué. Ainsi, dans le cas de polymorphisme de type microsatellite, on détectera avec avantage les produits de PCR selon leur taille en ayant recours aux techniques d'électrophorèse.

10 Lorsque le polymorphisme ne concerne que quelques nucléotides, voire un seul nucléotide, on aura plus spécialement recours, aux fins de différenciation des haplotypes de produits de PCR, aux techniques d'hybridation (analyse sur membrane à l'aide de sondes 15 spécifiques des séquences d'haplotypes, SSOP ou Sequence Specific Oligonucleotide Probe), de migration différentielle des échantillons dénaturés (SSCP ou Single Strand Conformational Polymorphism), ou de séquençage. De manière générale, cette dernière technique est préférée 20 compte tenu de la simplicité de sa réalisation.

25 L'invention fournit ainsi une technique simple et rapide d'établissement du profil génétique d'un grand nombre d'animaux à étudier, ce qui permet de déterminer les haplotypes et de sélectionner ceux d'intérêt en vue d'un élevage.

30 De plus, chaque type de gène pouvant être discriminé en utilisant des amorces présentant la spécificité requise et son appartenance au système B ou Rfp-Y pouvant être établie, il est possible d'effectuer des études fondamentales plus complètes.

L'invention vise également un coffret ou trousse pour détecter le génotype du poulet ou autre oiseau d'élevage selon la méthode définie ci-dessus.

5 Ces coffrets ou trousse sont caractérisés en ce qu'ils comportent les réactifs nécessaires pour la réalisation d'au moins une PCR et du test de révélation.

10 En particulier, ils comportent les amorces pour la PCR, un témoin positif de la réaction, ainsi qu'une notice d'utilisation.

15 Les amorces se présentent sous forme lyophilisée ou en solution ou, selon le mode de détection, sur un support. Le support peut être, de manière classique, une plaque multipuits ou se présenter sous forme de puces à ADN.

20 L'invention vise en outre un système expérimental qui permet d'étudier la résistance au développement tumoral chez le poulet.

25 Il s'agit de lignées d'animaux qui ont été triées génétiquement sur leurs caractéristiques du CMH. En fonction de ces caractéristiques, les lignées sont soit résistantes, soit sensibles vis-à-vis des tumeurs induites par des virus, comme le virus de la maladie de Marek. Cette sélection génétique, qui s'est dans un premier temps effectuée sur des critères sérologiques, a 30 été ensuite poursuivie sur la base de l'étude du polymorphisme des gènes du CMH. Il s'agit d'un matériel génétique qui est parfaitement défini d'un point moléculaire, et constitue un outil précieux pour l'étude du polymorphisme des séquences de type microsatellite. Ce

5 matériel, ainsi que le produit du croisement entre certaines des lignées entre elles, a été utilisé pour déterminer les séquences microsatellites du CMH qui sont polymorphes et pour évaluer si ce polymorphisme peut être corrélé avec les données de typage déjà disponibles pour ces lignées.

10 D'autres caractéristiques et avantages de l'invention sont exposés dans les exemples qui suivent, dans lesquels il est fait référence à la figure 9 représentant une photo d'électrophorèse de produits de PCR illustrant le test de génotypage de l'invention. On rappelle que les figures 1 à 8, déjà évoquées ci-dessus, illustrent les séquences de gènes selon l'invention.

15

Exemple :

20 Etude d'haplotypes Rfp-Y du poulet à l'aide d'amorces microsatellitaires.

25

- amplification avec le Kit Expand<sup>TM</sup> High Fidelity PCR System

. Avec les amorces 17.5 R1/17.52

25

ADN génomique : 1  $\mu$ g

Oligos prendre : 0,3  $\mu$ M

dNTP : 8  $\mu$ l

qsp H<sub>2</sub>O 50  $\mu$ l

30

On ajoute 50  $\mu$ l de Mix 2 en mélangeant.

Mix 2 : 0,75  $\mu$ l d'enzyme  
10  $\mu$ l TP10X avec MgCl<sub>2</sub>  
qsp H<sub>2</sub>O 50  $\mu$ l

Programme d'amplification :

30 Cycles

5

94°C	94°C	65°C	72°C	4°C
2'	30''	1'	1'	∞

. Avec B-FI/B-FI, R :

10

ADN génomique : 1 µg  
Oligos prendre : 0,3 µM  
dNTP : 8 µl  
qsp H<sub>2</sub>O 50 µl  
et ajouter 50 µl de Mix 2 en mélangeant.

15

Programme d'amplification :

30 Cycles

20

94°C	94°C	60°C	72°C	4°C
2'	30''	1'	1'	∞

- révélation par électrophorèse sur gel  
25 d'agarose ou par séquençage.

Le test a été appliqué à 9 haplotypes de poulet, sélectionnés sérologiquement pour le complexe B. Il s'agit des haplotypes B4, B5, B7, B12, B13, B14, B15, 30 B21 et d'un haplotype inconnu BX.

Plusieurs individus d'un même type ont été étudiés pour B12 (6 individus), B13 (3 individus), B14 (4

individus), B21 (4 individus) et un seul individu pour les autres haplotypes.

5 La figure 9 donne une photo d'électrophorèse sur gel d'agarose à 1 % des produits de PCR obtenus à l'issue de l'étape d'amplification.

10 Les pistes 1 et 27 correspondent aux marqueurs de taille et les pistes (2 à 25) aux produits de PCR des 15 haplotypes suivants : piste 2 : B4 ; piste 4 : B5 ; piste 5 : B7 ; pistes 6 à 11 : B12 ; pistes 12, 13, 14 : B13 ; pistes 15, 16, 17, 18 : B14 ; piste 19 : B15 ; pistes 20, 21, 23, 24 ; B21 ; piste 25 : BX (absence de détection pour les pistes 3 et 22).

15 L'examen de cette figure montre que les individus qui ont l'haplotype B12 donnent une même bande et sont donc bien homogènes. La même observation s'applique aux individus B14. En revanche, avec B21, on constate que les profils sont différents, ce qui démontre 20 l'inefficacité de l'approche sérologique. Compte-tenu de la position de la bande de BX, on détermine qu'il s'agit d'un haplotype B4.

25 L'application pratique de cette méthode revient à soumettre les individus naturellement résistants au protocole décrit ci-dessus en prenant en compte les deux systèmes Rfp-Y et B du CMH et à ne sélectionner parmi des animaux à tester que ceux dont le profil correspond à celui des animaux résistants.

30 L'invention fournit ainsi les moyens de vérifier l'homogénéité des animaux et d'effectuer des sélections rigoureuses en prenant en compte chaque système du CMH, et dans ces systèmes les gènes recherchés.

## REVENDICATIONS

1/ Molécules d'acides nucléiques isolées de leur environnement naturel, de gènes codant pour des protéines impliquées dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité au développement de tumeurs chez le poulet, telles que celles de la maladie de Marek, et de régions apparentées auxdits gènes caractérisées en ce qu'elles présentent les séquences d'acides nucléiques de gènes du système B ou du système Rfp-Y, correspondant au complexe majeur d'histocompatibilité des oiseaux d'élevage à l'exception des séquences des gènes de classe II B-L, du gène 17.5, du gène 12.3 et du gène B-FIV de classe I, ou sont capables de s'apparier avec l'un des brins d'un gène capable de coder pour une protéine telle que définie ci-dessus dans des conditions faiblement stringentes.

2/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 1, caractérisées en ce qu'elles répondent à l'un des enchaînements suivants :

. enchaînement du système Rfp-Y

B-FV (figure 1), B-FVI (figure 2) ;

. enchaînement du système B,

8.4 génomique (figure 3) ; B-FI (figure 4) ; C121 (figure 5), DM (figure 6), TAP1 (du début de l'exon 2 à l'extrémité 3') (figure 7), et TAP2G (figure 8).

3/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 1 ou 2, caractérisées en ce qu'elles correspondent à une partie des séquences définies dans les revendications 1 ou 2, cette partie étant spécifique

et discriminante pour un gène donné des systèmes B et Rfp-Y.

5 4/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 3, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie de région polymorphe des systèmes du complexe majeur d'histocompatibilité du poulet.

10 5/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 4, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie d'exon.

15 6/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 4, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie de région polymorphe qui n'est pas liée à la fonction des systèmes du CMH, telle que les régions  
20 microsatellitaires.

7/ Méthode de génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet, caractérisée en ce qu'elle comprend

25 - l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amorces capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits  
30 oiseaux,

et

- la détection des produits de PCR obtenus.

8/ Méthode selon la revendication 7, caractérisée en ce que les amorces sont élaborées à partir des molécules selon l'une quelconque des revendications 3 à 6, et de tout gène (et région apparentée) codant pour une protéine impliquée dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité aux tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage et notamment de poulet, particulièrement les gènes de classe II B-L, 17.5, 12.3 et B-FIV.

10

9/ Méthode selon la revendication 7 ou 8, caractérisée en ce que la détection des produits de PCR est effectuée par séquençage.

15

10/ Coffret ou trousse pour le génotypage d'oiseaux d'élevages et notamment du poulet, caractérisé en ce qu'ils comportent les réactifs nécessaires pour la réalisation d'au moins une PCR et du test de révélation, selon la méthode de la revendication 8 ou 9, en particulier les amorces élaborées à partir des molécules d'acides nucléiques selon l'une quelconque des revendications 3 à 6.

Figure 1BF V

B-F V

GGC CCC GGG ATG CCG CGG TTC GTG ATC GTC GGG TAC GTG GAC GAC AAA ATC TTC GGT  
ACC TAC AAC AGT AAG AGC AGG ACT GCA CAG CCT ATC GTG GAG ATG CTG CCG CAG GAG  
GAC CAG GAG CAC TGG GAC ACG CAG ACC CAG AAG GCG CAG GGC GGT GAG CGG GAT TTT  
GAC TGG AAC CTG AAC AGG CTG CCG GAA CGC TAC AAC AAA AGT AAA GGT GAG CGT GGG  
GGA AGC TGC AGC GCG ATG CGT CTG GGA CAG GAG CTC TGT GTG CCG AGG GTG TCC GCC  
AGC CCC ACT GAG GTG TGG CCG TGC CCC ACG CCC AGC TGT GCT GGG CCG TCC ATG TGT  
GGT GGC ACT GTC CCT GGG CCG CCC TGC TCC TGC GCC CAC CCA CCC CAC CCC AGC CTC  
ATG GCA CTC GCG GTG CCC CAC AGC CCT AGA AGC CTC TCA CCT ATT ACT CTG GCT GTG  
CCT CAG GGT CTC ACA CGA TGC AGA TGA TGT TTG GCT GTG ACA TCC TGG AGG ACG GCA  
GCA TCC GAG GGT ACG ATC AGT ATG CAT TTG ATG GGA GGG ACT TCC TTG CCT TTG ATA  
TGG ACA CGA TGA CGT TCA CCG CGG ATC CAG TGG CTG AAA TCA CCA AGA GGA GAT  
GGG AGA CAG AAG GGA CGT ATG CTG AGA GAT GGA AGC ATG AGC TGG GGA CTG TCT GTG  
TTC AGA ACT TGA GGA GAT ACC TGG AGC ATG GGA AGG CAG CGC TGA AAA GGA GAG GTG  
AGG ATG GGA GGG GGA CGT GGG GCT GGG CTG GGT GTG GGG CAG AGG CTC AGT GTG GGG  
TGC TCA GCC CGG CCC ACA ACG TCA CCC ACC TGC AGT GCA GCC CGA GGT GCG AGT GTG  
GGG GAA GGA GGC CGA TGG GAT CCT GAC CTT GTC CTG CCA CGC TCA CGG CTT CTA CCC  
GCG GCC CAT CAC CAT CAG CTG GAT GAA GGA CGG CAT GGT CGG GGA CCA GGA GAC CCG  
CTG GGG GGG CAT CGT GCC CAA CAG CGA TGG CAC CTA CCA CGC CTC GGC TGC CAT TGA  
TGT GCT GCC GGA GGA TGG GGA CAA GTA TTG GTG CCG CGT GGA GCA CGC CAG CCT GCC  
CCA GCC TGG TCT CTT CTC ATG GGG TGA GCT GGC AGC GTG GGG CAC GTG GGG TTG GGA  
TTC GCA GGC TGC CCC TTC CTT TAC TGA CAA CGG CGC TCT CCT CCA GAG CGG CAG CCC  
AAC CTG ATT CCC ATT GTG GCA GGG GCG GTC GTT GCC ATC GTG GCT GTC ATC GCT GCG  
GTC GTT GGA TT

2/110

Figure 2B-FVI

GGC CCC GGG ATG CCG CGG TTC GTG ATC GTC GGG TAC GTG GAC GAC AAA ATC TTC GGT  
ATC TAC GAC AGT AAG AGC AGG ACT GCA CAG CCC ATC GTG GAG ATG CTG CCG CAG GAG  
GAC CAG GAG CAC TGG GAC GCG CAG ACC CAG AAG GCC CAG GGC GGT GAG CGG GAT TTT  
GAC TGG TTC CTG AGC AGG CTG CCG GAA CGC TAC AAC AAA AGT GGA GGT GAG TGT GGG  
GGA AGC TGC AGC GCG ATG CGT CTG GGA CAG GAG CTC TGT GTG CCG AGG GTG TCC GCC  
AGC CCC ACT GAG GTG TGG CCA TGC CCC ACG CCC AGC TGT GCT GGG CCG TCC ATG TGT  
GGT GGC ACT GTC TCT GGG CTG CCC TGC TCC TGC GCC CAC CCA CCC CAC CCC AGC CTC  
ATG GCA CTC GCG GTG CCC CAC AGC CCA AGA AGC CTC TCA CCT ATC ACT CTG ACT GTG  
CCT CAG GGT CTC ACA CGA TGC AGA TGA TGA TCG GCT GTG ACA TCC TGG AGG ACG GCA  
GCA TCC GAG GGT AGC ATC AGT ATG CAT TTG ATG GGA GGG ACT TCC TTG CCT TTG ATA  
TGG ACA CGA TGA CGT TCA CCG CGG CGG ATC CAG TGG CAG AAA TCA CCA AGA GGA GAT  
GGG AGA CAG AAG GGA CGT ATG CTG AGA GAT GGA AGC ATG AGC TGG GGA CTG TCT GCG  
TTC AGA ACT TGA GGA GAT ACC TGG AGC ATG GGA AGG CGG CAG TGA AAA GGA GAG GTG  
AGA ATG GGA GGG AGA CGT GGG GCT GGG CTG GGT GTG GGG CAG GGG CTC AGT GTG GGG  
TGC TCA GCC CGG CCC ACA ACA TCA ACC ACC TGC AGT GCA GCC CGA GGT GCG AGT GTG  
GGG GAA GGA GGC CGA TGG GAT CCT GAC CTT GTC CTG CCA CGC TCA CGG CTT CTA CCC  
GCG GCG CAT CGC CAT CAG CTG GAT GAA GGA CAG CAT GGT CCA GGA CCA GGA GAC CCG  
CTG GGG GGG CAT CGT GCC CAA TAG GGA TGG CAC TTA CCA CAC TTC GGC TGC CAT TGA  
TGT GCT GCC GGA GGA TAG GGA CAA GTA TCG GTG CCG CGT GGA GCA CGC CAG CCT GCC  
CCA GCC TGG CCT CTT CTC TTG GGG TAA GCC TGG CAG CGT GGG ATG TGT GGA GTT GGG  
ATT TGG GGG CGG CCC CTT TGT TTA CTG ACA ACG GTG CTC TCC CCC AGA GCC GCA GCC  
CAA CCT GAT CCC CAT TGA GGC TTG GCT GGT CGT CCC CTT GGT GGT TCT CTT CGT TGC  
TTT GAT TGC ATT

8.4 génomiqueFigure 3

GGA TCC GGG GTG GGT GGC AGT GGC TGT GTT TAG GTC GGC CTG TGG GGA AAG  
 CCG GGT TGT CCC ACC CAT GTC CCC TCT TCC AAC ACT GTT CCT GAA TGA GTT  
 TTC CCT CTC CGA CCC TTT TTT TAA TGG GTT TCA GGG ATT TAA AAT TAA TAT  
 TGA CGA AGT GAC GGA GGG GGT GGG GCC ACA GCG GAG CCG AAA GCG AAA GCA  
 GCG GAG AGC AAT GGC TGC GGG GCT GCG GCT GCT GGC GGG TGA GAC CCG  
 ACC CCC CCC GGC CCC CTC ATG TCC CAC CAC CCA TAT CGC CCC CCC CCC TCC  
 TCC TCG CCC CAT GCT GAG CCT CTC CCC CAC CCC CAG GGC TCT GCT GGT CCC  
 AAT TTA GGG TGG AAG ACG CCG CCT CCC CTC CGC CCC CCC CCG CTC CGG TGC  
 GCT GCG CGC TGC TGG AGG GGG TGG GGC GCG GGG GAG GGC TGC CGG GGG GGG  
 GCA ATG CCC GTC CTG CAC TGC TGC GCT TTG GGG GGG ACG CGG AGA CCC CTC  
 CCG AAC CCG GCC CGG AGC CCG AAG TCA CCT TCA ATG TCA GCG GTA CGT GGG  
 GAC CCC CGT CAC TGT GCT GTG CGC CTC CTT TAT CCC CAC CCC CCT CCA TGT  
 CCC CAT CTC CTT TAC TTC CCA CAA TGC TCC CAT CCC CCC CAG AAT GTC CCC  
 AGA GTC CCC CAA ACC CCC ATG ACC CCC CCC ACG ACC CCT GGT TCC CAT TAC  
 CCT CTC ACG TCC CCC AGT GTC CCC AAG ATT CCC ATT ACT CCC CGT ATC CCC  
 ATT ATC CCC AAA ATG TCC CCC AAT GTT CCC ATC ACC CCA ATG TTC CCA AGG  
 TCC CTA TCG CTC CTC AAT GTC GCT ATG ATC CCT ATT CCC AAA ATG TCA CCA  
 ATG TCC CCA AAA TCC CCA TTA TCT CCC ACC TCT CCA AAG TCC CCA AGA TCC  
 CCA TTA CCC CCA ATA TCC TCA TTA CAC CCC AAA TGT CCC CAA TGT CCC CTC  
 CAT GTC CCC CAG AGA CCC CAT TAG CCC CAA TAG CTC CCA AAC TGT CCC CAG  
 TGT CCC CAT TAA CCC CAA AAT GAC CCC ATT ACG CCC CAC ACC CCT CCC AAC  
 CCC ATG CCC TCA GAC CCC TTC ATC CCT CTC ACT CCT CTC TCC CTC GCA GAC  
 CCC TGG GGG ACT CTA GCC CCA CTC GGG TCC CCC CCC GGA CTC CCC CCA GCT  
 GCG AAC TGA ACC CCA CGA ACC CCC AGA CCG GCT CTG ACC CAT GGA GCC GCC  
 CTC TGC ACC CCG ACG CCC GCA GCC CCC CAA CCG CGG GGG GGC AGT GGT GGG  
 TGG CGG CGG TGG GGA CCC CGC AGT ACG GTG TCA CTG CGC TGC TGC AGG GGG  
 GGA TGG GCA CAG AAG GAA CCA TCA CTG CCG CCG GTA AGG GGG AAC TTG GGG  
 TGT CCC TCC CTG GGT GTC CCC ATG TCC CTA TCT GTC CCC CAG TGT GTC CCC  
 ATT TGT CCC CTC CTC TGC ATG TGT CCC AAT GTC TCC ATA CAT CCC ATA ATA  
 ACC ATA TGT CCC CAC TCA TCC CCA TAT TCC CCA TGT GTC CCC ATA TCC CCA  
 CAC ATC CCA GTG TGC CCC AAC ACA TCC CCA TGT GCC CCC CCC CAT GCA TCA  
 CTA CCA TCC CCC TAT CCC CCA AGT GTC CCT GTG TCC CTG CAG TTT CTC CCT  
 GTC CTC ATG TGT TCC CAT GTC TCC ATG TCA CTG TGT CCC CGT GTC CCC ACA  
 CAT CAC CAT GCC CCC CAC TGC AGC GCC CCC ATG TCC CTT CAC CTC TCC ATG  
 TCC CCC AGT GTC CCC TAT CCC CTC ATT GTC CCC ATG CCC CCT CAC CTC CCC  
 GTG TCC CCC GTG TCC CTA TGT TCC CCT GGT GTT TCC ATG TCC CCT CAT GCC  
 CCC ATG TCC CCT CAT GTC CCC ATA TCC CCC AGT GTC CCC ATG TCC CTT CAC  
 CTC CCC ATG TCC CCC AAT ATT CCC ATA TCC CCT CAC CTG CCC ATT TCC CCC  
 CGA TGT TCC CAT GTC CCC GCA CCT CCC CAT GTC TTC ACA GTG GCC CTG GCG  
 GTG CTC ACC CAC ACC CCG ACC CTC CGG GCC CGT GTG GGG TCC CCC ATC CAC  
 CTG CAC TGC GCC TTC GCT GCC CCC CCA TCC TCC TTT GTC CTC GAG TGG CGT  
 CAC CAG AAC AGG GGT GCG GGG AGG GTC CTG CTG GCC TAT GAC AGT TCC ACC  
 GCC CGC GCC CCC CGC GCC CAC CCC GGG GCC GAA CTG CTG CTG GGG ACA CGG  
 GAT GGG GAC GGG GTG ACA GCG GTG ACA CTG CGG CTG GCG CGG CCA TCA CCG  
 GGG GAT GAG GGC ACC TAC ATC TGC TCC GTG TTC CTG CCC CAC GGG CAC ACA  
 CAG ACA GTG CTG CAG CTC CAC GTC TTT GGT GCG TCC ATG TGG GGC AGG CGG  
 TGT TCC TAT GGG GTG TGG GGT TGG GCA GTG TTC CTA CGG AGT GTG TAT GAC  
 TGG GTG GTA TTC CTA TTG GTC AGA TAG GAC ATA TGG GAG CAG GCG GTA TTC  
 CTA TGG GGC TGT AGG GTG GAT GGG ACT GGG TGA TAT TCC TGT GGG GGC TGT

AGG GTG GAT GGG ACT GGG TGG TAT TCC TAT GGA GGC TAT AGG GTG GAT GGG  
ACC GGG TGG TAT TCC TAT GAG GAC TAT AGG ATG GGG TGG CAT GAT CCC ATA  
GTT CAC CTG TAG GTT TAT AGG GGG GGA TGA GCC CTA TAC AGC GTA TGG GCT  
ATA TGG ACC GAT GTC CCC CCA CAT GTC TCC AGA GCC CCC CAA GGT GAC GCT  
GTC CCC GAA GAA CCTGGT GGT GGC CCC GGG GAC GTC AGC AGA GCT ACG CTG  
CCA GTC TGG CTT CTA CCC CTT GGA TGT GAC GGT GAC GTG GCA GCG CCG CGC  
CGG GGG CTC GGG GAC ATC ACA GTC ACC CAG GGA CAC AGT GAT GGA CAG CTG  
GAC TTC AGG TCA CCG CCA GGC AGC CGA TGG AAC CTA CAG CCG GAC GGC GGC  
AGC ACG GCT GAT CCC CGC ACG CCC CCA ACA CCA CGG GGA CAT CTA CAG CTG  
CGT TGT CAC CCA CAC TGC ACT GGC CAA ACC AAT GCG TGT CTC CGT CCG ACT  
GCT CCT GGC TGG TGA GGG GGG ATG TGG GGA TAT TGG AAA CAC GTG GAG GTA  
TTG GGA TGC TGG GAC CAT GGT TAG GAG GGT CTG AGG GAC ATC AGG ACC ATG  
GCC TGG GAC AAT GGG AGA TCA TGG ATT TGG GTT GGG GAC CCC ACC CAG GAT  
GGT GAC ACT GTG CTT AGG GCT GTC GTT GTC CCC ACA GGC ACC GAG GGA CCG  
CAC CTG GAG GAC ATC ACG GGG CTC TTC TTG GTG GCC TTT GTC CTC TGT GGC  
CTC ATC CGT TGG CTC TAC CCT AAA GGT GAG TGC TGT TCC CAC ATC CCA GTG  
CCC CCA CAT CCT CAC ACC CCA ATA TCC CAA TGG CCC ATG TCC CCA TGA GCA  
ATG TCA CTA TGT CCC AAT ATC CTA ATG ATG CTG TGT ACC CAT GTG TCC CCA  
TGT CCC TAT TCC ACT CAC TCT TTC TCT CCC CTC AGC TGC ACG ACC CAA AGA  
GGA AAC CAA GGT AAC ATT CCT CCC CAA AAA CCC CAA ATC CCC CAA AAC ACC  
TCC AAG CAC CCC AAA ACT CAC CAT TCT CAT TCC CCC CCC CCC CCC CCC  
CCC CAT GCC TTG CAG AAA TCG CAG TGA CCT CCA CTC CAG CTC TCA GCA CCT  
CAG CTC CAG ATA AAG AGT TTT TCA CCC CAA AGT TAT ATA TGT GTG GTG GTG  
TCC CCA CAG ATC TGG GTG CAG AGG GGG GAG AAA TGG GGG CAA ACT GGG AGC  
AGT GGG AGC AGT GGG AGG AAG TCC TGG GTT GGT GAG GCA GAT GAG TGG CAC  
CTG GGG ACA TCT GGG TGC CAT CCC TTG TGG ACA TCT GGG TGA CAC TGC ATT  
GCC TTG GGT GAC ATT GGG ATC CTC AGG TCA CTG CAG

5/110

Figure 4

B-FI

GT CGA CGGGAT CTGGATAGGT CGT CAGT CAT CCTA ATT AAGGAGGG A CAA CAGT GAA TGGG  
 GAGGAG CCGATGA CT CAGG CTGGAGTGGT GAT CCCAGAGCTT CCT CTG CTG CAGT GAC  
 T CCGT GCTT CG CTT CG CTT CA CA CCTG GAGGGAG CG CATT CTG CCTGG CG CCCGAT GAC  
 GT CA CATA AA ACCCCCGA CTG CCATTGG CGGAGAGG CGA CGGAGGAG CCA ATGGGG CG CGG  
 GG CGGGG CGGAGGAGTAGGAAAAG CTGAAGGA CGTG CG CTGGGT CGG CGGA CTTGAGAGT  
 G CAG CGGT GTGAGG CGATGGGG CGGTG CGGGG CG CTGGG CCTGGGG CTG CTG CT CG CGG  
 CG GTG CGGGG CGG CGG CGGTGAGTG CGG CGGA CGGGG ACCCT CCCCG CCTG TAA CCCC  
 A CCCC CGGG CTG TG CCCGTGGAT CCT CAGA CCCC CA CCCG CGG CT CA CGG CCT CG CTG CG  
 T CCG CCCC CGAGAG CT CCATT CCTG CGGT ACGT CCATA CGG CGAT GACGGAT CCCGG CC  
 CGGG CTG CGTGGTT CGTGGACGTGGGTA CGTGGACGGGAACT CCT CGTGCATA CAA  
 CAG CA CCG CG CGGAGGTA CGTGCCTCG CA CGAGTGGATGGCGG CCAA CA CGGACCA CG  
 TACTGGGATGGACAGACG CAGAT CGGA CAGGG CAATGAG CGGAGTGTGGAAAGTGAG CTTGA  
 A CACACTG CAGGAA CGATA CAA CCAGA CGGG CGGTGAG CA CGG CGGGG CG CG CT CGT  
 GGGT GTGGGATGGG CT CCATGG CG CAGTG CGG CCA CA CCCC CAGG CCTGG CCCTG CCCG  
 GCGG CA CGT CCCGGG CTG CCCGT CA CAG CCCC CA CG CG CT CGGGGT CG CG CGT CCCGG  
 GGG ACCCA ACCAT CCCC CGT CAGTGGGAG CGGGAG CGGGAGGGG CCCCT CA CCCC  
 GCGG CTGTGTT CAGGGT CT CAAACGGTG CAG CTGATGTA CGG CTGTGACAT CCT CGAG  
 GATGG CACCAT CGGGGGTAT CAT CAGA CAG CCA CGATGGAGAGA CCT CATTG CCTT CG  
 ACAAAGG CACGATGACGTT CACTG CGG CAGTT CCAGAGG CAGGTT CCCA CCAAGAGGAAT  
 GGGAGGAAGGAGGTG TG CTGAGAGGTGGAAGAGTACCTGGAGGAA CCTG CGTGGAGGG  
 G CTG CGGAGA ATATGTGGAATA CGGGAGG CTGAG CTGGG CAGGAGAGGTGAG CGGGGT CGG  
 GGTGGGGGGGGGGGGGG CGGACG CAGTGTGGGT CGGA CGTGGGG CGGGGG CT CAT CGT  
 GGGAG CT CAG CCCGG CCCT CACTG CGG CCA CCA CAGAG CGG CCTGAGGTG CGAGTGTGG  
 GGGAGGAGG CTGACGGGAT CCTGACCTTG CCTG CGG CG CT CA CGG CCT CTACCC CGGC  
 CCAT CG CGT CAG CTGG CTGAAGGA CGG CG CGGTG CGGGG CAGGACG CCCAGT CGGGGG  
 CAT CGT CCA CCG CGA CGG CACTACCA CACCTGGGT CA CCA CGATG CG CAG CGGGGG  
 GA CGGGGACAAGTACCA CGTGG CG CG CGTGGAG CA CG CCAG CCTG CCCCAG CGGGG CCT CTAC  
 CGTGGGGT GAGT GAGGGGAT GTGGGG CTGGGGG CTG CGGG CTG CCCCCT CCCCCTG CTGAT  
 GG CCCC CT CT CCCCAGAG CGG CCA CAG CCCA CCTGGT CCCCCT CGTGG CGGGGGT GGC  
 CGT CG CATTG TG CCAT CG CCAT CGTGGT TGGT GTGGATT CAT CAT CT A CAG CG CCAC  
 G CAGGT AAAAG CAGAGGGTG CAGG CGGG CAGTGGGG CTG TAGGGGAT CTGGGT CCCC  
 CTTGGGAG CCCC CA CCTGG CTGTGATGTGAACCTGTGATGAAGCAT CT CT CTG CTG CAG  
 GGAAGAAGGGGAAGGG CT ACAAA CAT CG CG CCCGGT GAGT GATGAGGG CAG CG CTGT CCCC  
 ACCT CTG CCCAGTG CCAGGGTGGT CCTGGGGT CCCTG CTT CT CCAAGGTACCCATT CCT  
 GGTG CT TGGG CTG CT CCATG CCCC ATAGGGAG CA CAGGG CTGGAT CT CA CAG CTGTT CCT  
 CCCT TATAGA CAGGGAAAGGTGGAT CCAG CAG CT CGAG CA CAGGTG CGGTG TGGG CTGTGG  
 GTTGGGAGGGT CCGTGTG CT CT CTG TG CTG CCCCAGGG CTGGG CTATG CTGGGG CT CT  
 GCGGGGAGGACCCCGGAG CAGAGGGTGGAT GTGAACCTGG CCCC GTGGGACAT CAT CCCC  
 TT CT CAT CCCA CAGGGAG CAA CCCC CG CA CCTGAGTG CTGTG CTT CAG CCTG CAAGGAG CC  
 AA CAGT CCACACCA CG CATTGGG CTGGT GATGGAC A CAG CCCC CT CCT CCTGACCT CT CA  
 CAT CT CATT CTG CTT CCTATG CTG A CTG TATG CTTG CCTG CACTG CTT CCTG TAAATA  
 AAATGATGGG CCATT CTGTG CT CAG CTTG CCTG CATT CTG CA CAGTG CTG TGGT GGGGAT  
 GGGGTGGGTGAGAGGA CGGTG CT CAGTTGG CTG CT CAGGGTG CAGAT GTGG CCCC CTGTG CT  
 GAGTACCA CTG CCCC CCT CCCC CT AT CTG CCTG CTG CT CA CT CCCC CT CCTG TAAACCAT  
 CCCT CT CA CCT CT CCT CTG TAAACCAT CGGTGGT TG CTTG CT CCTG CCTG CAG  
 AACT CT CATT CCCA ATGG CAT CCTGGT GTGGAT GTGG CT CCTGGT CCT CCCC  
 CAG CAGT CACTG CA CAT AT CCCC CCTA CT CCCC CTAGGT GTGGT CCCC CAG CA CT CCT  
 AT TT CCT CT CCCC CCT CCCC CCT CCCC CCT CCCC CCT CCCC CAG CT CCT  
 CCTG  
 CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG  
 CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG CCTG  
 FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

6/110

T CCG CT CTT CA CCGTGGGGGAGGGGCTCTGGGGGTCCCTCTTCTCCCTGCACTTCTTA  
CAG CACCGGGACTCCCGCGCTGAGATCCCATCA CA.CCCGGGTACAAACATGCGGCTTTATT  
CCCAGTTCTGTGTCCCACCCCCGGCCCTGGTGGCACTCAGTGGCACCGCAGTCCATGCAGT  
GGCCGTTGTGTGT CGTACAGCAGCGGTACC

## 12.1

Figure 5

ATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGC  
ACCTATCTCAGCGATCTGCTATTCTGTTATCCCATAGTGCCTGCAAC  
TCCCCGTCTGTAGATAACTACGATAACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCC  
AGTGCCTGCAATGATACCGCGAAGACCCACGCTCACCGGCTCCAGATTAT  
CAGCAATAAACCAAGCCAGCCGGAAAGGGCCGAGGCCAGAAGTGGCTCTGCA  
ACTTATCCGCCTCCATCCAGTCTATTAAATTGTTGCCGGAAAGCTAGAGT  
AAGTAGITCGCCAGTTAATAGTTGCGCAACGTTGTTGCCATTGCTGCAG  
GCATCGTGGTGTACGCTCGTCTGGTATGGCTTCAATTAGCTCCGGT  
TCCCAACGATCAAGGCAGTTACATGATCCCCATGTTGTGCAAAAAAAGC  
GGTTAGCTCCTCGTCTCCGATCGTGTAGAAGTAAGTTGCCCGCAG  
TGTTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCTTACTGTCATG  
CCATCCGTAAGATGCTTTCTGTGACTGGTAGTACTCAACCAAGTCATT  
CTGAGAATAGTGTATGCCGACCGAGTTGCTCTGCCCGCGTCAACAC  
GGGATAATAACCGGCCACATAGCAGAACTTAAAAGTGCATCATTGGA  
AAACGTTCTCGGGCGAAAACCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGATC  
CAGTCGATGTAACCCACTCGTGCACCCAACTGATCTCAGCATCTTTA  
CTTCACCAAGCGTTCTGGGTGAGCAAAACAGGAAGGCAAAATGCCGCA  
AAAAAGGGATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTCCT  
TTTCAATATTATTGAAGCATTATCAGGGTATTGTCATGAGCGGAT  
ACATATTGAATGTATTAGAAAAAATAACAAATAAGGGTCCGCGCACA  
TTTCCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAACGAAACATTATTATCATGAC  
ATTAACCTATAAAATAAGGCGTATCACGAGGCCCTTCGTTCAAGAAT  
TCCCGCCCGTAGCGCGCGACCAGCCGGATCGCACCCGAGCACCAGC  
TCCCCCGTCGTCAGATGCCACGGGCCACGTCGAGGCCGACGGGAGAA  
ATACACGTACCTACCTGGGATCTCAACAGGCCCGGGTGGCAACCAGG  
TCGTGGACCGTTGTGCAGGTGCGTGTATGTCAGCTCCGTCGTCGGGTGC  
CGCCGGGCCCAACCGCGGTCGGGGGGGGCGGTGTATCACGCGCCCGCT  
CGGGTGGCTCGCGTCCGACGTTCTCCCGCGGGAACGTCAGGGCCT  
CGGGGTCAAGGGACGGCGAAAACGTTACCCAGGCCGGAACGCAAC  
ACGGAGGCAGGCTGGATTGTGCAAGAGACCCCTAACGGGGCGACCGAGGG  
GGGAGGCTGGCGGTGGCTCGACCGTGGTGGGGCGGGCAGGCTCGCT  
TCGGGGGCCGGCGAGCAGGTAGGTCTCAGGATGTAAGCAGCTGGCCG  
GGGTCCCGCGGAAACTCGGCCGTGGTACCAATACAAAACAAAAGCGCTC  
CTCGTACCAAGCGAAGAAGGGCAGAGATGCCGTAGTCAGGTTAGTCGT  
CCGGCGGCCAGAAATCCCGCGGGTGGTTGGCTGGGTGGGGTGGGGTGT  
GGCAGCCACAGACGCCCGGTGTTCTGTCGCGCCAGTACATGCGGTCCAT  
GCCCAAGCCATCCAAAAACCATGGGTCTGCTGCTCAGTCCAGTCGGA  
CCTGACCCACGCAACGCCAAAATAATAACCCCCACGAACCATAAACCA  
TTCCCCATGGGGGACCCGTCCTAACCCACGGGGCCGTGGCTATGGCA  
GGGCTGCGCCCGACGTTGGCTGCGAGCCCTGGGCCTCACCCGAACCT  
TGGGGGGTGGGTGGGAAAAGGAAGAAACCGCGGTATTGGCCCCAAT  
GGGTCTCGGTGGGTATCGACAGAGTGCCAGCCCTGGGACCGAACCCCG  
CGTTATGAACAAACGACCCAAACACCGTGCCTTATTCTGCTTTTAT  
TGCCTGTCATAGCGCGGGTCTCCCTCCGGTATTGTCCTCCCGTGTTCAG  
TTAGCCTCCCCATCTCCGGGTGGCGAAGAACTCCAGCATGAGATCC  
CCGCCTGGAGGATCATCCAGCCGGTCCCGAAACGATTCCGAAGCC  
CAACCTTCATAGAAGGCAGGCCGTGGAAATCGAAATCTGTCGAGTGGCAGGT  
TGGCGCTGCTGGTCGGTCAATTGCAACCCAGAGTCCCGCTCAGAAGA  
ACTCGTCAAGAAGGCAGAGAAGNNNN

**GATAGAAGNN  
FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)**

8/110

TGGGGT CCTCTTGGTCTGATGGAGAGAGGGTGGCACCAGGGTAAGTCGC  
TGCCTACATCACCACTGGTGTCTCAGCAGCTGGTGTAAATTCTG  
CCATCTGGCTATTCTGTAGAAAGCAAAGAAGCTCTGCTGGTGGCAGC  
TCATCTCCCAGTGTGAAAAAGCAAATGCAACGCATGCACCCCTGCTATCC  
ATGTGGBCCYAKCCCTCTCCATCAGCTGTGAAGGGAGAAATCTGCACTCA  
GAAGAGATTGAATTGGGCTCAGATCTGGCTGGGAAGATGATGATTCCAA  
CCAGAGTCCAGGAGACTTGGGAATGCATGAATCCTATAGGAAAATGGA  
TAACCCTCATCCAAGAGCAAGCTGGCATGATGCTCTGGGTGAAAACCC  
ATAATGCCACCTGGTTTAAGGTTGGGTGGCTACAAATGTGCAGCTCT  
GCTTCGGCGAGGCACTGGGAGCCCTAACCCATGGAGAGGTCAAACCAAG  
TGCTGGAGGTCAATTGTGGGCCAGCTGCAATGGGAGGTAGGCAATTATGG  
ACATCGCTGAAGCCACCCACGCTCTGGGAACCTGGTTTACCTTTC  
ACTGCACTTAATGGGATTCTCATCAATGTCTGCAATTCTGGCCACC  
TGTAAAAAAATATAATAATAATTAAATCTTGGCCCACTGCGGGAT  
GAGCAGCTGGTGGTCCCAGCTCACAATAAACACACTTGAGACTCCCTG  
GAGAATTGCTTCTTGCAGCTGGTCCATGKGGGSYKTTCAGCCC  
CTCTGCAGCTCATAGGCTTCTCACAGCCTCTGCTCCACCTATTGCTG  
AAAAGGGGAAATTGAGATGGATCCCATTGTGAACATCTCCMACCT  
GTGGGTAATGCTCAGACCTCTCAGCCCTGTGGTTAATTCTTCTG  
CAGCTTAATGGGTTGGGATGTTCAATTACTGCAATAATTAGTGTGGGAT  
AGGGGAGGCAGGAGAGGATCCCGTCGACCGATGCCCTGAGAGCCTTCAA  
CCAGTCAGCTCTTCCGGTGGCGCGGGCATGACTATCGTCGCCGCAC  
TTATGACTGCTTCTTATCATGCAACTCGTAGGACAGGTGCCGGCAGCG  
CTCTGGGTCAATTCTGGCGAGGACCGCTTCTGCTGGAGCGCGACGATGAT  
CGGCCTGCGCTTGCCTATTGGAATCTTGACGCCCTCGCTCAAGCCT  
TCGTCACTGGTCCCGCCACCAACGTTTGGCTACGTCTGCTGGCGTCCG  
GCCGGCATGGCGGCCACGCGCTGGCTACGTCTGCTGGCGTCCG  
GCGAGGCTGGATGGCTTCCATTATGATCTCTCGCTTCCGGCGGCAT  
CGGGATGCCCGCGTGCAGGCCATGCTGTCCAGGCAGGTAGATGACGACC  
ATCAGGGACAGCTCAAGGATCGCTCGGGCTTACAGCCTAACTTCG  
ATCATGGACCGCTGATCGTCACGGGATTTATGCCGCTCGCGAGCAC  
ATGGAACGGGTTGGCATGGATTGTAGGCCTACCTTGCTG  
TCCCCCGCTTGCCTCGCGGTGCATGGAGCCGGCACCTGACCTGAATG  
GAAGCCGGCGGACCTCGTAACGGATTACCAACTCCAAGAATTGGAGCC  
AATCAATTCTGCGGAGAACTGTGAATGCGAAACCAACCCCTGGCAGAA  
CATATCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGCACGCCGCATCTCGG  
GCCGCGTTGCTGGCTTCCATAGGCTCCGCCCTGACGAGCATCA  
AAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCGACAGGACTATAAA  
GATACCAGGCCTTCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCCTCTGTTCCG  
ACCTGCCCTTACCGGATACCTGTCGCCCTTCTCCCTCGGGAAAGCGT  
GGCGCTTCTCATAGCTACGCTGTAGGTATCTCAGTTGCGTGTAGGTG  
TTCGCTCCAAGCTGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTAGCCGACCGC  
TGCGCTTATCCGTAACTATCGTCTTGAGTCCAACCCGGTAAGACACGA  
CTTATGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGT  
ATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTGAAGTGGTGGCTAACTACGGCTAC  
ACTAGAAGGACAGTATTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTT  
CGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTGATCCGGAAACAAACCAACCGCTGGTA  
GCGGTGGTTTGTGCAAGCAGCAGATTACGCCAGAAAAAGGA  
TCTCAAGAAGATCCTTGTACCTTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAA  
CGAAAACTCACGTTAAAGGATCTACGAGATCTACAGGATCT  
TCACCTAGATCCTTAAATTAAAAATGAAGTTAAATCAATCTAAAGT

9/110

CCATAATATGCCATTAGAAGTAACACATCCATCAATGATATATCCATAGA  
 ATACAAGAGAACGGTCTACATTACTTCAGATCCCATTTCAGGTTAAC  
 ATGAAAAAAATACCCAAAGACTGAATGTCACCATTAGGGATCCCGTGTG  
 TAAAATCATGACTTCTGCTTAATTATAAGAAAAATGAAATTCACTGTT  
 TTATTCTCTTTAAGATGAACCTCAACAGAAGTTGGTGAGTATTCT  
 GCCCTCCAGCAAACCAAAGCATGCAGTTGCAGTCTGTTGGATATAT  
 ATTGTACGTGGATATATAACCTGTATGTTATAACACCTCTGGTTCTTT  
 TCTCCTCTTTCTCAGAAAAACGAGAGAGAAGAATTGGTGAGTATCAA  
 ACTTCCCCCAGAAGTGGACTTTGGTGTTGGGAAGATCCATACCACAA  
 CGTTGGGCCAAACTTAATGAAATCCTTGTGTTCTTCTTATGTTTCA  
 GATGAACACTGCAGAGCTCGGTAAAGTCGTGATTATAACTCATAACGAG  
 TTATAATGCTATTGTTATAATATAACATATTATAATTGTTGCTATA  
 ATTACATAATAGAGCAAACAAATCACAAGGCACAGAAATATGGGTTGCTT  
 GAGAGCCAAACCTAGGAAGTGATAACACAATGGGAAGAGGACAATGACC  
 ATTCTGTTGTTCTCTTCTCAGAGCACTACAAGGCAAAGCAAGTGAGT  
 GTCTCCTCCTCATCTCAGCACGTGAGAGATTGGGGCTTGGGAC  
 GGCTATGGGATTACACATAATAAAACAGAAGATGAGAAGACAGTTGT  
 TAACTGAATTCAAACACTGGTTGAAATTGGTAAATTACAGTATAAATAA  
 TCTCCCCAGTACCCATTATAACAATGGGATTAATTACAGCCTGCCAGGA  
 AAGGAGCACTGAATTCTGCGTCCATCCAGCATGAAGTCCATCAGA  
 CTTAAGCTTACAGCTTAAAGAATGGTCACTTCTTCACTTAAACCCCTC  
 GTAAGTAAAAGATGGACTTCAGCATCACAGAAGTAGCCCAGAAATAGTC  
 AAAAATGGGTATGAAATTCTGCGTCCATCCAGCATGAAGTCCATCAGA  
 AATAGGAAAACAAATATTAAAACATAATTAAATTGGTTTTCTTTTA  
 GGAAGATGTTTGAGGAACACAGTAAGTGCCCTTCTCCCTTAAAG  
 CATCACTTTCACTTAAAGTCTGCATCACAGTTATAATCCATCTCCTA  
 TTATGCATTAGGGAGAGGCGAAGAAAAGTTGGTAAGTCATTGGTT  
 AATTGGGTTCTGCTGCAGACCCATCCAGGAGCTCATGCTCCTCTT  
 AGTGTCTGCACTGTAGAAATATCCAGGTTAGACGTGTAGGTAGGAAATAC  
 TGGACCTGCGTGGAGGTATTGCAGACCCATTATGTGTAGGGAAAGCAG  
 AACATCAAACATTGAGCCTTGAGCTCACGAAGACAAGCCACCCCTTTA  
 GATTCAAGCGAAGTCGAGCTGAATAGATTAAATTCTTCTTCCATAG  
 TAAATGTACTCTGGACCCAGAGACGGCCACCCCTGCCTCGTCTCTCC  
 AAGGACCAAGAGCGTCCGATGGAAATACAGCCTGCAGGAATCCCCGA  
 CGGCCCGAGCGCTTCGACGCCATCCCTGCGTGTGGTTGTGAAACCT  
 TCACCTCTGGAGGGACTGCTGGGTGGATCTCACAGAAGGGCAGTAC  
 TGCGCCGTTGGGTCAAGCAGGGAGTCCCTGCCAGGAAGGAGGCCGTCA  
 CTTAACCTGATGAAGGCATCTGGCTGTGCAGCAATGGGGTTCAAGA  
 ACAGAGCCCTCACCTCCCGACCCACTGAACCTTACGGGTTCCC  
 AAAAAGATCCGATCTCTGGACTACGAATGGGGCGAGGTGGCGTTT  
 TGATGTGGAGAACCAATGCCATCTCACTTCTGACCTCCTT  
 GTGGGGAGCGGCTCCGGCGTGGTCTGGGTGGAGCTGGCTCCCTCTCA  
 CTGCCAGATAACCCCGGAATCCCTGGAGGTGCTGTGGAGGTGCCCTA  
 GCAGCTCTCCAGACGGGTGGAAAAACTCTCAGGAAAAGCAGCATTAA  
 AACCTCATCTCCCTCTCCAGTCAACCATTGTATGCAAAAGAAAGGA  
 AACCCATCCTCAATGTATCAGCATCCTCCGTGTGATGCTGGTGGCC  
 CCCATTGATGTATGGGTGGCTCTGTTGGTCTGGTGGCCCTATTGA  
 CGTATGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGT  
 GGCCCTATTGACATATGGGTGGCTCTGTTGATGTCGGTGCCCCCA  
 TTGACATGAGGTGG**FEUILLE DE REMBACHEMENT (REGLE 26)** CAATGCCW  
 CNYGATTCCAGTCCAAACTCTAGGGACGTTAACGACCCACAGAGAGGA

10/110

AATCACCTCAAAATGAGCCTGAATGTTGACTGAGGACTGAGCACAGCT  
 GGGCACTAATTCTATTTATTTCTCTTATTTACAGAGGAACCGCGATCT  
 GAAAATCAGTAAGTGCTGCCCAAAGCCATAGGGCTATGCTGGGCTTCAT  
 CCCCACAAACATGAATTAAATTAAATAAAATAAAATAAAATAAAATAATT  
 TATATTATGTATTGATATTAGCAGTATTAAAAAAAGAATAAAATA  
 ACTCAAGAATCTTAGGATCAATAGTAACACAATGATGCAACGTGGATACA  
 AAAGCAGTAATTCTATTCTTGGGTTTATCCTCCAGGGGAACACG  
 AAGCAGAGATACTGTGAGTGTATTATATACTCTATAATGGAAAACCTT  
 TTTCTCTGTAAATAAAATAGGCTTATTATIKGAGGGGTTTGGCT  
 TAACGCAAATGCGAAGTGCTGAAATTCTACGTATGAAATAGAGGATTC  
 CCATAGAGAAAAACAGCAATTGGGGCTGGAATAAAAGTTCACTTC  
 GCTGAAAAGTGAATGAAAAGGGGGGAAAAGAACATAAAATGAGTTT  
 TTCCCTCATTAATCTGTATGAAATGGGTTGGGCTCTGAATGGTATGT  
 CAACACCTCGTTTGGGTCAGCCAACATAATATGTGTCTGCCTTAT  
 TTCTGTATCACTGGTGTAAAGAGAGCTGTTGAACTAATATCTCTT  
 TTAATTACTTTCTTTCTTTCTTCCCGTTCT  
 CTGTTTGCCTAAGGGCGCTCACTGAGCTGCTCGGTAAGTGCATTTC  
 TTCCCTGCATCTGSAAWMCAGCWATAACCVHAGGYCTTATTTGGGG  
 GAAGGAGGGGATAAAACACAATAATGATGAAATCAGTGCTTGGAAAGGG  
 TGCAATTATTATTCTCTGCAAATGAATACTTCTTTCCCTTTGTT  
 GCAGAGGACCGCGATTCCGATGTCGTAAGTCCTTTGTTGTCGGAG  
 CTGTGAATCCTCCAATGGAAATGCAAGAATTCTAGAGTCTGCCCAAAA  
 TGACCTTTGAGGCTACAAGGATGGAAAATAAGGAGAAATGTCCTA  
 TTTATTGATCTCTGTTATGTCAAAACGGGTGACTCTCTGCG  
 AACACGTTAGAAATAAGAACACAAAATGGGAGGAATGGTATTATTAT  
 ATCTGTTGTTCTGTTAAATTAGGAGAACAGGACATCCTCATTAG  
 TAAGTGGCACTTGGATTGATAAGAAATGCAAGCTCTGGGACGTTGG  
 TGCTGCGATTGCTGGCACTGCTGGGCTTGTGTTGTTGGAAAGTGGAA  
 TTACTTCAAAGAAGAGAAGAATGGAATTATCTGGAGAAAAGGGGAAATA  
 AATGGAACTGTTGGAAAAGAAGGAGGAATAGAATGAAATATTGGGAA  
 AAAAGTGAATAGAATGGAATTATTCAAAAAAAATGGAATGAAATT  
 GGGAGGGGAAGGGGAAGTGGAAATGGAATTATTGGGGAGAAAAGGGG  
 AAAATTGAATGACTGGGGGGAAATGGGAAATAGGATGGAKTWTTTA  
 AAAATACAGAATTGTGAAGGTTCAAGCCATCTCAGAGAGTTGGTATCC  
 TCGAGTTCCCCCTTGCAACCCATTGAGCATCCTGGGATGACACCAAAT  
 TCTGTTCTCCTTTCAAGGGAAACTGTCAGAAGAGCTCGGTGAGTTAT  
 TTCCACTCTTACATACAAAATGATTCTGGATAATCCTTTGTGTT  
 TCCTGCTTGCCTTGTGTTTAAGAGGCAACTGCAGAAGGAATGGCA  
 CAAAGGGTGCAGAGGATCTTGGATAAATAACAGGGAAAACAGGGATGG  
 GATAGCAATGAGTTGGTGAATAATCTATGGCACAAAAGGTGACGGCGTG  
 TTTCACATTGCTTTCTCTTCTTCTTCTCCAAAAGGATAAGGGGT  
 AGTTGTAAGTGAAGATTCTTCCCTCTTCTCCAAAAGGATAAGGGGT  
 AATTGGATTCTGATCTCTTCTCCCTTTGTTCTAGAGGAGAGTG  
 TTCTGGAGAGGGGTGAGTATCATTCTCTTCTACTGCTGCTTTGACTGA  
 AGGAATCCCCATAAGCATGCTGGTGGATGGGAATTCTACATCTGATAC  
 ACAATTATTATCATTTCTCATTTTATACACAGAAATAGATAATT  
 TTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT  
 TTGGTACGTGTCATCTCCCCCTGCTTGTGGTGTCTCAAGAAGGCCA  
 ATGGGGTCATTGGGATTGTTGGGTTGAGGATTGGGTTCTGATTGAAT  
 TTGGGGAGGATTC.FEUDE DE REMplacement (REGIE 26) ATCTCATGT  
 TTCTCATGGCTGGATCCTCTGTTGGATACCTAAGAATACCTGAAAT

11/110

TCCTGGGGCAAGAGGGCACCGCCGTGAAAAAWACATATATTAACCA  
 TTTTCCTTCTTTTCCATTAGGGGACCGTGACTCAAAGCTCCGTG  
 AGTGCCACTCTCCTCCTGATTAAAATCTGAGTGAAGATGTGGATTTCT  
 CAGTGTGCTCCTACAATCTCACTTTTCAAGCACAGTTTCCCCAAANTT  
 GTGTTCTCCACCCAACCCCTACACTGATCCTAAATGGGTGTATTGCCT  
 GAATCAGTGGTTTCTCCCTATTTNGATCTATCCNGTTTATTCCAGT  
 ATATGTTTATGACATAATTATGACATAATTGTTGTATGATGCCA  
 TAGACCTTATTACCATTCGCTGCCCTGTGTGGATCAGAAAATATTTA  
 ATATAAAACAGATATCTCACTGACAGTGATTCTGATGCACCCATGAAG  
 GAAAAGGATTAAAATAAACTTAATTCCCTTTAGGCAAACGTGAC  
 AGCAGAACTCGGTAAAGSACMTKYCKTCSYCATCCCATAAAACAAATGA  
 AATTATGGATGGATGGATGGAAATTAAACAGTTAGTAGAGGTCAAGCTTG  
 CTCTAGGACGGTCTGAAAAGTGAACCAAAATCTGCTTTACTCATTTCT  
 TCTTATTGTTGTAGCAAAGTGCATGCAACGATCAGTAAGTGCTGCTG  
 CATGTGGGGTACCTCCATCTCGGGTCATTTCTGCTGTTCAGCATTG  
 AAAGGACATCAGAATTCTAAATCCAACAAAATTGGGTCACTCGAAAG  
 GAAATCTTGCAAGATATGGGGAAATCAGAGCAAATTGAGGGGGGA  
 GGGAAAATCTAGGGGTTTCAGAAATCCAATGGGATCTGATGGTATT  
 TCTGCTCTCAGGACTGTTACAGTGGAACTCGGTGAGTCCGTTCTT  
 TGTTTCTTAATTATTATTAGTAGTATTATAAAATCAATATT  
 ACTGTTGCTTACATATTGTGTACATTATACATAACATACATTA  
 TATACAGTATATAGTACAGTAGTATATAATTATGTATTATATAT  
 ATAATGTATTATAAAATGTCAATCTAATATAATGTCTGATTAGATATA  
 ATGCATATATATTATTGTACTACAGTCATATTATAACATATTACTATA  
 TCTGCCTTTCCACACGTTCAATTGACCTGATTAAAAACTAAACCTAA  
 AGGCAGAAGAAGATGAAAACCCCAAATTACACCAAATAATTGAGCTA  
 TAGATCATATCTATCAAAGCAAATTGCTTCAGTCCACATCACGAAAT  
 TAACAATAGAAAGGTTAAATTGGAACGTACAAACAAATGACAAATAACC  
 CCCAATGGCTTTCTCTCTGCAAGGAGAGCGTCACACCAAAATAGGTAC  
 GTGAGGTGTTGCTACCTTCGTTGGAAGGAAGAAATTGCAATTAAATAAA  
 CCTCTGCCAATATGAAGCCGGGTCAAATTACTCATAAATACCAACTGA  
 TTGTCATGAATTAAACAGGGAAAAAAAGCTAAACTGAAAATAACATT  
 TTTTCATCTCTTTAAGGGAACTCACTGCAGAAGTGGTAAGTCTC  
 TTTCCCATCAGTTAAGCAAAATGGTCACTAGATATAATAATCCCT  
 TATTCTGCTTGTGTTTAGGGACTACAACAGGAAACTTCGTAAGTGCCT  
 TTAACCTCTCCATTAAAGAGTTAACCTTCAATAATTGATGCTTCAA  
 TGTGCTGAAGCCACCAAAATGTGTTYATTGTAAGGGCTGAGCGTC  
 AACACCTGAACACTGCCATGTTGGGGCTGAGATTGCTGGATTGGTT  
 TCAGTGTGAAAATGCCTCTGGGTTCTGTGCTGAGCTCAGGGAAACACG  
 ACCAGGGCTCCAGTAGGAATGAGACCCAAATAATTCTACCTGGGGS  
 CTTTCCCATGGGAATTATTCTGTWAATCCATATTCTCCMCSTTIG  
 ARCGTYMCTCMTCMAATGTCAAAATCTGGCAATGTTGAGAAGATATA  
 GATATCTATTAAACTGATTAAATATGGAGGTGTTGTGTTGGTCAGTG  
 ATGTCACTGGGAAAAGATCTGAGTCATTGAATCCCATTCTTTCTCTT  
 TATTAAAGGGAAACACCGCAGCAGAACCTGGTAAGGGAAATTCCCTCCCTG  
 GGTTGTTCTCTGTTTCTCTTGGAGGGGATTTTCTATGTCTT  
 CTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTC  
 TTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATG  
 TCTTCTTCTAAGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTY  
 AWGTCTTCTTCKAWGULFREPLACEMENT (REPLACEMENT) 26  
 TCTTCTTCTTCTTCTTCTTGGATTGGAGCCAAAAA

TAGAAGAATGGGATGCAAAAATCAGTGAGTGCCTTTCTCCCTT  
 CACGGTGAGGTATGGGTGGAGGACCTGAATTAAATGTGAATTCTCTGT  
 TTTAAGGGAAGCTAACAGAAGATTTGTAAGTCGCTTATTTCTCGAT  
 CTGAGTGCATATTCTACACCTTACCATCAGTGATGACCAACGTGTGA  
 TGCATTCTCTTATTCCATTAGAAGAGAGCGACACAGAGCTCGGTGAG  
 TGCTTGGGTCTTATCAAGGTGGAAAGATGCCCTCTGTGCAACAGTGG  
 GGATTGGGAGAAGCCCTCAGCTCTTACCATTCACATCTGATACCCA  
 GATGGAGTCAGGATGCAGAACTGGAGGAGGGCCAAAGCTTGGGCAT  
 TTTGGGTTATTTGTTCTCGAGAGCTCCAGGATTGACCCGTGCTTCA  
 TTTCTGTGTTATTCCAGAGGAATGTGACACAGAAGATGGTGAGTGTCT  
 CCGTGAGAGGGCTCAGAGAAAGACTCCACCAAATCTCCCTCTTAAATG  
 TATATTCTGATGTATTAAAGGGATCTCGCASCCTGAGATCGGTAAAG  
 TCGTGTGTGGTATACACCCCTATKTGTGCTCCATCAAASAGGGCTCT  
 GTGCASCTTGAGTKGTGTTCCCACAGGGTTGTCYCCCACCTTCACACG  
 AATATGGGGTAAAACCAAACAAAATGGCACAGAGGGATTGAGAAAGGG  
 CGGGCGTTGGGTGGCGCTGTTCTGATCCAAGGGAGGGTGAAGCTCATG  
 AGAATGGTTCTTCTTCTTCTTGAAGACAATCTGACTGCAGAGCTCG  
 GTGAGTGCTCCCTTCTCTGCTTCTGTTCACTGTTGGGTTTTAGG  
 GGGGAAAAATGCTTATTCCCCCATAAACACACACATGTAACCCAACTG  
 GGCTGGAAGAAGGGTCAAACGTTCATAACTGCAGACTGCAATTATCATT  
 CCAAATTGGAAGGTGATTCCATCATGAACCATCCACCCATCACAGTGGAA  
 TTCTGACAGTGTCTCTGTTCCCTTCAAGAGAACGTGATGGGAAGCGATGGGTTA  
 AATCAGTAAGTGCCTTTCTTCAAGAACACTGATGGGAAGCGATGGGTTA  
 GGGTAGGGTAAGGGTAAGGGTAAGGGTAAGGGTAGGGTGGGGAAAAAA  
 TAAGTTAATACATTCTTATTGGCTTAAAGAAACTAATGTTCATCTA  
 TTTCTTGTAAAGGAAAGCTCACATCAGATCTGGTAAGGGTTACTTC  
 CTTAAACTATCCTTAATTCTGCAACAGTGTGCTGGGTATAGAGTAGAAAAAA  
 TATGCATGTGAAGGTGTATGATGCACATGTTAAITCATTCTTATTATG  
 TACTCGTTAGTTGTATATATGTATTAAATTATTACATTATATATAT  
 TTGTATATATTGCAAATATTGTATGTATGTGTATGTGAAGAGAT  
 TGGGGTTCTCTGGTGAAGAGGGGGGTGAATGACAGCAGGTGTCCTTA  
 ATAAGCCTTATTCTAAACACTAACAGGGAGAATTGGGATACACAGAA  
 ATAAAGCCTAAAATGGAAAAAGAAAAGAATGAAATGGTAAAATATTG  
 AAAAGAACRAAAARTTGGAGAAAAGAAATGACASTTTGGTGGGTTGG  
 GGCTGCTCTGCATTCTCCRCTTATTCTCCCTTGTGTTCAAGGTGATG  
 TTGACACAAAGCTCAGTGAGTGGAGCTGCTCTCCTGCCACATTAAAG  
 AGTATTGGTATTAAAGACTGTTAAGAATATTGGACATTCTG  
 TGGAAAATGGATTCTGGTGTAAAAAAACCTGGGCTTATTGGAG  
 GACGGAATAATGTCCCAAAAAAGGGGGATTGGCATCAATTGACTGGG  
 AGGTGAAAATAAAAGCAGTGATCTGAGCGTGTGGGGCAATGGATGAA  
 CCTCAATGATCATTGGTCTTCAATTCAAGGCCATTCTATGATTCTG  
 TGAAAGAAAAGAAGATAATTAAACATTAAATTCTCTTCTCTCAT  
 TCCAGAGGAACCGCAGAGAAAATCAGTGAGTGTCACTTTGGGGCA  
 AAACCTCTGATTGGGAAGGGATCCCTGATAGAAGTGGTTAATCCTGT  
 TGGTTTCTCTGCAAGCCAAACTCTCAGCAGAAATACGTAAGTCCT  
 TTTCTCCCAATCTGAACTGTTCTTGTATTCTTAAACTTCCTTCT  
 TTTTTCTGTTAAATTAAATATGCTTTGGTGGTTTT  
 TTTCCCTATTGACAGGCAGACTGACTGCACTGCTGGTGAAGGGTGC  
 TAAATCCGTGTGGTTGGGCTGAAAACCTTAAATGGGAACACT  
 GCACCCAGACAGMYYTSGTCKVCTTCACTTAAATAGAATAA  
 AAATGGGGGAAATGGCAAAATGAGCATTGCAAGKGAGCAGAGYTGCTG

CCCAAAATAGGCATGACTCAGCAAGCACCGTACTGGCATGATTGCTTG  
GGTACCCCGTGGTAAGGAGCCATTGTTGGACACCACGATGTCGTTT  
TCACAGCCCTGTGAGCGCAGCGTCTAAATTGCCCTCCAGACATTCCAAA  
TTTGGAGAGCTCAAATGGCAAAGGTGAAATGGGCGTCAGCCCTCCGGGAT  
GAAGGAATCTCTGCCGGGTTTCCGTTGGATCACAGCAGGAGGATTGC  
TTTCCTAAAGCATTAGAGTGACGTGGAGAGCCAAATCGGACCCAGTGGC  
CACATTCTCCCAAGGGAAAACCCCTCGGGTCCCCTACGGTTCTTCT  
AGCATGATAACAAACTCTTCCATCCGCCATCCCCTTGGGTTGG  
AGGTTGACAAATCCCCACTGAAATTCTATGTTGCACACATGTCCTTCAT  
TCTTAAGTAGGAGTTAGCAAAGGTTCCGCATTGACTTAATTAGAGCGA  
GATCAACAATTAGGCAITCTTATGAACCTCACATTGTTATGCTGA  
TCAGCAGCAAAAAACATACAGGAATAGGAGTGTGTCTGTAGGAGTGCTC  
TGCATTCTGCTCGTTGGCTATTAGGAAGCTGGGAGGAAATGTTG  
TGAAATAATCCAAGTGTAGGAGACTGTGGGATGGGAGGAGATGCCCT  
CTGTCCTGGTGGAGCAGTAGGGACAGAACCTGAGCTCAATTATATC  
TGTATATTAGGCAATGCTAACCAAGTGTGTCGTTATTGGGGCCAGG  
AGTGGCTCTGCCCGTTGGCTAACCAACCTGCTGCCATTGG  
GATTGGGGTTNTGTTGGCAGACAACATCCACCAACCAACCCATGGCTGAT  
AGCAGAGAGGGGACCAAGGTCAACCCCTCATATATCTCTGCAGAAACCTGT  
TCCTGTCATACAGGGATCCCCATCCCTCCCCAGCCCTCCATCCT  
CGGCATTGGGTTGGCTATAATTAGGCTCTGGAACGTTCCCCGCTGCC  
AGCACAGCTGTCGTGTCGAATGATCCTCAGCTCTGCAGCACAGC  
AAACCCCTCCAGCAATCCTAAATACCCATTCCTGCACTCCTGGGACAAAC  
TGGGAGCTGCCAAAAATCTCAGCCCCACAGACGTGACCATCACAGCA  
CCAAGGAGCAGAGCAAGCGAACGTGATTACGGTGCAGGTGGGTAAGC  
CTTCTCTTCTCCCACAGCCCAGGATTGGGGATCCTATTGGCTCTA  
TGGGATCTGGGAGATGCAGGAGAAATGTGATCCCTTGCTGTAGCAAAAC  
AACCTTTAGAGTCCTGCACCTGAATCTGGCAGTACTGGAAAGCAGGAGA  
GGGATTAAGAGTCCTCTGCATTATCCTGCTCATAGGGAAATACAGCACA  
GAAATCATTGGGCTGCTCCTTGCTTCTGGCACAAATTAGGTCT  
CATTACAGCGTTCTTGACTGAGACCCAATAGGATCTACAGGGTAGA  
ACAAAGCAGACAAAAGTGTGATTGATGTTCTATGCGATTGTTGCCTT  
TCCCATTGAGATTCTGCTTCTATGGGGCTTTGCTTTTCACAGC  
TTTTTATTCACTGTAGTGAATAGAAATTAGGGCTTTAGGTCTATT  
GATGCTGTTATGAACACAGAGATGAACCTACAAACACCTCCTGGTGTGGT  
TTGTCTATGGGATAGAAAGGAGCTATGGTGTGTCAGCAACTAACAGAG  
GTGCCTGAGGGCTGGGCCTCTTGCTGCCCTCTGGGGTCAGCAAAC  
CCTTTATTCAAGATATAAAATCCCTCATCCACAAATTACCAAGTCTTCCC  
AATGCAGACCCAAAAACATCCCCAATGACAAGTCCACGAACGTGAGAA  
AAGCAGCAAAAGCCTCCCAGCCCCAAATATTATCCCTATCCATTAA  
TTCTATGGGAAAGCTATTCTAGGCATCAGGAAGGTGGAGATTCCAGG  
TCAGTTGTTCTAATTGTGATCTTAAATGATGTTCTCCCATCAGGTG  
GACATTGGAAGTGGTCTGACTGGGAAGAGGACGTGATGATGGCATCAG  
GTAGAGCTCAGAAAGTGGTATTATCAGCAAAGCAATTTCAGGTCTGT  
TTTTCCCATTTCCATATTCTATTCAAGGAAGAGGAACGCG  
GATCTTGGTGAGTGATTTCTTCTTACCTTACAAAGTCCCTTCCA  
TGTGTAGAAATGGATATACGTACCCCCCACTGATACCCATTCTTGT  
CTGTCCTTATATTATACTTCCCATATTGAACACATGAAAACAAAGC  
CCACATTAAATAAATTCAAAACAGTGCAATTGGACTATTATTTCC  
ATAGAAAAGTATTAATCAGTGCAAGTGCCTCTGGAGGTGACTTCTGC  
AGCACCCAAAGAGAGAC

~~FEUILLE DE REEMPLACEMENT (REVERSE)~~ 26

GAAAGAGGTTTATTTCACAGTGTGGAAACTCAGATCCGTTGCCACCT  
GCACCGTGTATTCAGACACCCAAAGTGTCCAGAGTTGATGGTTTG  
TCCCTGGAGCCGAAACGATCTGGCGTTGTGGAGGAGAAGGCGACGCT  
CAGCACATCCTGGTGTGGCAACAAAGCGGCGGGTGGTGGTCCCTCTGC  
AGGGACACCAGGAGGGTCGACGGGAGGGACAAAGCTCAGCAAACCCCCA  
TTAAATTAAATTAAACCTCCCTAAATTGAGGAGATCGTGTGCAGTGCAT  
AAATTCTTAATGAACACAACTGATGGAAGCAGGAAGGAAGCTAAAACGGA  
GTCATCTCCACATGGGTTGAGGAGTGGTGGTCCCTCCCTCCGAAC  
AGGAACAAAAGGGTGCAAAGCTTTGATATAAGGGTGGAAATAATCATGA  
GGAGTTAGGATATAAAACTCAGCTTCCGTGGACACACAGCAGCGTAAGT  
GCTGAACGCTTTGGAGGATTGGGGTAGTTCTGCTTCCGTAGGAGTTCT  
TCTCCTATAGTACTCCCCAAAATCACAGTGCAGAAGAGGCCGGTGTGCT  
CCAACCTCACCCCCAAACTCTGTACCCCCAAAATCACACCGAAGGAAAAGCC  
TGCTTGTCCAGTCTGTACCCCCACAGCGATGGTGAAGGAAGAACCAAATC  
CCCCCCTGCTGCTCCACSTGCTTCTCTCCCATCATATTGCAGGACGTGT  
CCTCAGATCCCCGAGGATCAGCAGACTGTGTAGGTGTAACTCACTGGGAG  
AGTGAGCTGAGGGAGGAACCGCTTGGTCTCCCTCCAAGCATGATTAC  
CACCCAAACCTGAGAGGAACCTCACCTCATTTCACGCTGTACCGCACACCT  
CTCACCCACCCCCAACACCCAAACACACAGAGGCCAGTCTGCCCAA  
ACCCCCACCCCCAACAGCCCTTCAGTCCCCAGGACTCACGTGGTGGAGGTCC  
CACAGCCTCAAGGTGCCATCCCAGGAGGCCGACAGCGCAAACGTGCCATC  
GGAGGAGGATGACCACATCGTGTACAAAGTGCAGTGGCCGCGAGGGCGC  
GCTGCGGGATCCGTAGTGGTCTCATCTGGGTAGCTTCCACATGATG  
ATGGTTTGTCTGGGAAGGGGAAAGGCAGCGGCCTCAGCTCCAACCCCTT  
CTCACATTCCCGTCTCACTGGGCTTATCTCCCTCATAGCAATGGGGGG  
GTTACACAGAACCGCACCCTTCCCTCAGCCCCCAACCGCCTCCC  
TACGTCTCATACACAGCAGCCTCCCCACCCCTGCAGCTCTGTCCCCGA  
GCCCTGCACCCATTCATCACCTCCCCCTCCCSAWGGTCCCCCAGCCC  
CCTCNTYTAYCACKGACGGTGTCCCCCTATTCCCACAGTCCCCCTCCATA  
GGCCCCACAGTCCCTGCCACCCCCACAGTTCGCCCCCCCCGC  
CTCGGAMGAGGCCGAACCCCTCAAGGCAGGCCCTCACCCCGCACGSG  
GAGAGAATCATGTCCGGAACTGCAGGGTGGYGATCTGCGTCACCCA  
CCCATTGTGGCCYTCMGGTACCGSGGGAGGGTACCTGCTCCGTATGG  
CGGCGGCGGGCGGAGGGATGGCGCGGATTCAATAAGGGCCGGCCCG  
GTCCGGTCTACCGCCCGYGATGGCCGCCAGCGCGGAAAGAGAAAGAGGG  
AGGTGACTTCCGGCGGAAGCGGAAGTAGCCGCTGGGTGTACGGCAAGAG  
GGGCAACATGGCGCGCGCATAGAGAGACCGCTGAATGGGGAAATGGGGC  
TTTGGAGGTGGGGAGGGAGGGTGTCTGCGCTGCAGGRACACGAG  
GTGCGGGCAGAGCACCTCTTAAACATTGKTATTATTAAACGTTWACA  
TTAGCAATTATTATATCCCTGTTGTGCCAGGACGGAGAAGAGCAGGGTG  
TGCAGCCTGTGCTTATCACCTGCAGCTGCCCTGCACCCACAGCCAACC  
CAAGTTGTGACGCCTGAGCAGGATCTGACCCAGGAAGGCAAACAGAAGG  
TCTGAGTCCCTCCCTTCCATCCCTCCACGCTGCAGTTGG  
GGGCTGTGACCCGTCCCGTGTCTCAGTGTCTATTCCGATGAGCAGTGGC  
TGATGGTGTGTTCAACAGTTGGCATCCCTGTGGGTCCACCCCCGT  
TTTGTCTACCAGCCTTTCTATCCGTCTTATCAGCAGATCATCCTG  
TTATTAGATCTGCTTTCCAGTCACGGCTTGATTTCACCTGGTT  
TTACCACTAACATCAAGCCTTGTCCCCATCTGATGATATTGAGCAG  
ATAAATCCGTAAAGCAGGGAGGAAGAATTAAATTCTGGCCCTTCTACACCCA  
TTTGGTTAGATCTTGTGCTTGTGCCAACACACCTTGAAATCCAGAAAATTGC  
FEUILLE DE REMplacement (BEGLEITBLATT) CAGAGCCA  
GGAATAACGTGTCTGATGTGCCAACACACACCTGAAATCCAGAAAATTGC

GGCCTGGCACTTATTTAGGGCACGTAGGCCGGGGAGGGTGCAAAAAAT  
TGGGCAACTTCCACCTCTGAGGCTGCTCAGAGTCAGCATCGCACCAGGC  
CGCACCGGTGGGAAGCAGCCTGTTCCCTTGAGCTTAAGAGCTCT  
GAGGTGGGGTATTATTTCTCTCCCTTCAGCTGCTGTTGAATT  
TCCAGCTGAATCCTGTCCCACCAGAGAGACTCTGATTGCACCCTGTTG  
TTTACTCTTTGTTGGATTGGTATTTTTCTGTTGGCGTT  
ACAGAGCTAGTCAAAATATTGGCTAAAATAAGAATTAAATGGAGAT  
CTAGTTTTGAAATGTCAGAATAATAATAATAATAAAAGAATAAA  
GAATAAAAGTTAAAGCTGAGCCTCTCCCTTATTGAGAGCCCCAGGGGA  
CAGGAGTTGTGGTCAGGCCCGAGCTGCTGTTAACCTGCTGGTAA  
GATGTGACTTAAGCCTTGCATCGTTAATCTTAACCTAATTAGCAGTAATT  
TGGATTGGGCTGCTTCCCTCAGCAGCTGTAAAGGGATAGAGGCTGCTG  
GGTGAAGTGAAGCTGTGTTACCAACCTCTCCTGCTCTCCCCACATGTTT  
TGGTGGTGGTGGTTGCTCTTTGGCCACGGCTCTATCTCCCCAGGTGT  
GCACTCACTGTGGGCTGCTACTGCTCCTGAAAGGGCTCAGGGAGACATT  
GAGTCCCTCGTCCACACGTGGGAGGAGCAGTGATGCCACATCCTTA  
AAGTTGTGGGACAGCCTGGTGGCAAATCCAGAATGGATATAATGCAG  
CCATGAGCTAACAGAGCGCTCTTATTGAGTTGTGCATAAAATCTG  
TGTGTTGTTACACATCCTCATCTGGTCCAATGGTGAATTGCCACACCC  
GGACGAGGTTATCTGTAGCCAGCAAACAGCGCTGGGGAGAGAAATGG  
AGGAAGTGGATCATGAAAAGATAGGAATCAGCCCTCGGTGTGAACGTAAA  
AATCTCAGAAGGCAGCTCCAAAGCGGAGGTGCTGGAGGAAGGTGGAGT  
TTAAGGCTGCAGGAGGAGCAGTGAAAAGGGAAAGGAGAAGGGGATATT  
CTACCTGCCATCTGCAGACCACGCCAGAGAGGTACACTGGGGAGGCTCA  
GCTTGCTGCTGGTGTGATCACCTCCTGCTCAGCTCATCCACAATGAT  
TTGCTTCCAGGTCTGTGCAAGGACAGAAGAGAGCGTGGCTGACAGT  
TCCTGCAGGGAGACTGCTGTAGCCAAACCCAAACCATCAGAACAA  
GGCTCAGGGTGCTCAGAAACAGCCTCTGGGTTCCGCACAGGGATGCAGT  
CAGATGGCATCGAAGTTCATCACAGCAGAGTGGTGGCTGCCCCACAC  
CACCTCCAGTCCAGGGGATGACAGTGCCACCAGCATGACCCATCCCAC  
GTAACCAAAAGGGCTTCACCAAGGCATCTGTGGGGCAGGGCAGGATT  
TCGACCACAACTCTGCCTCCAAACCCAAACAGGATAAGGGAAAGTGAATTCT  
TTAGGAGGTAAATAGGGATGTCACATACCCAGATCTTGATGCTGGGCCG  
GTGGCAGCGCAGAGCCAGTAGCGGTTGGGCTGAAGCACAGCGCATTGAT  
GATGTCCCTCCATCCAGCGTGTACAGGTGCTGCTTCATTCAAGGTCCC  
ACAGCATGGCCTGGCGTCTGGGGGAGCAAAGAGGAATCACAGCAA  
CCATCAAACCTGTGGCTTGTCCAGTTGTCATCTAAAACCTTCCAGCT  
TGGAAACAGCACTGATTGTGACTGAGATGTGGTGAGTGCCACAGGA  
CAGCAAGAGGCACATAACTGAGCTGTGAGAACAAACAGAATAAGCTGCAAT  
TTGGCCTCAGCTTCCCCAGGGTGTACCTTGCCTCCAGAAGCAGCACAGAGG  
GAGCCATAGGGGAGACAGTCAGTGTGTTAGATATCCCGTGTGGCGAT  
GTGGTTGTCTCAGTTGCAGTTAGCCAAGTTCAAACCTAAATGAGGG  
TAAACGTGACAGGCTCAGAAATATGGAGGGAGAAAAAAACAAACCTCTCA  
TGATCACTGCTCAAATATTCCCCAGAACGCCGACAAACCCAAAGGAGC  
TGCTCCTCTCACCTTCAACCAGCTTGTCCCAGCCACAGGAGACAATGATGG  
GGTTGCTGCTGTTGGGGAGAACAGCAGCACAGGAAACCAACTCAGAGTGG  
CTCTCGTCTGAGGGAGAGGAACAGCATTGGTTGAAAGCAATGAAAAGCA  
TCCCCAGTCCGAGCTGCTGCATCCACTGCTCCCTGAGCCCTCATAATT  
GCAGGACGTGTCCTCAGACCCCCCCCCAGAAAGAAAGGTGAGCAGGCAGT  
TGTCACTTCTAATCATTAAGGACTCAGGAGAGAATGGGAAATACGGACTCAGAAACAAGCA  
AAACCAACAAATCAAAGAGAAATGGGGAAATACGGACTCAGAAACAAGCA

16/110

GTGGTTTGAGGGAAATGCCGGGGGGGGGGGGGGGGATATGCC  
TGAGAGATTAAGGTCTGTTGGTAAGGAAAGCCTCAGCAATGTGTGG  
GCTGTGTCTTGTCTGTGGGGAAAGGGAATCATCCAGGCTCAGTGCTG  
AGTTGTGGCTGATAAGAGGATTATTGGAGCAACGGTGGGATTGGTATC  
AGTCATCCCTAATCCTTCTCTTCCCACCTGCTGCCTCCTCCC  
ACAGGACATCAAGGGCACTTTATCAGGTAGTGACTTGTGATCTT  
TTCACTTGAATAACTTTCTTTTTAATGTCAAAAAGCATTGAGC  
TTTGTTTAAATCCTGTGTGATGGGTACAGTGGGGCCTGTAATGCAG  
GGGAAAGCTGTCTAACTTTGGGTGATGGAAACTCTGGCTGATGGG  
GTGCAAATGGGATCTGGGAACAACCTGGGAAAGACTTGGGAACTTGGG  
AAACAACCTCTGGGCCATTGGAAAGGGGAGGGTGGGGAGGAGATCTC  
GGCCCTGATTCTGGAACGCTGGGTGTGCCATGCAGACCTCATGCTATA  
GCGAAACTCCTCACTCTGGAGAACGATTCTCCCCATCCTGTAGACAAA  
TGGGCAGCGCTGGAGTTCTCAGCCATGCTGGACGCACGTGGCTACCC  
CAGCTCTGCTGCTGGCTGAGGGAGGGTGGGGAGGCTGGCTGCACCAAGT  
GCAACCAGTTGGCCGATCCATGCGTTGCTCTGGTTTCCAGAGCTGCA  
TGCAGGCCGCTCACTCTTCTGCTGCTGAAATTCTGCTTCCCTCC  
TTTCCCCCACCACAAAAAGATGTGAGAACATCAAATTCCAGGAGGCCGA  
GATGGTGTGGTGGACGTGGGAAGGAAATACCGCAACTATTCTGCAGG  
ATGTGGTGTGGAGAACATGGAGAACGCTTCAAGCAAAGTTCCACAGGGT  
GAGAGAGTCCTCTCCCTACGTGGATGGGGTCCCTCCACTGGGAT  
GGGATTCTCCAGCTCTGGGTCTCCTCCATCTGTGCTCCCAT  
GGTTGCAGCTGATGATCCTTAGGAAAAGCAGCATCCCTCTGTTCTCT  
CTGTGCTTCCCTTGCCTGCTGGTTTCCCTATTGTAGCTCC  
TCCATAGAACTGGGTTGATGTGGATCTGGATTCAATTAAAGGAGGGAT  
GACTGCCTCAAACCTAGCATGGTGCAGATACGCAACCAAGATGAGGATT  
GGACTGGGTGCAAGGGGAAAAAGTGCCAGGTGACCCCTAACGACCC  
CCGCTCTGCCCTCCTCCAGCTGACATCACGCTGGACCCGGACACCG  
CTCACCCCTGCCCTCAGCCTCTCCCTGGACCAGCGCAGCGTTAAGCTGGGA  
GAACGACGCCAGGAGCTCCCCAACAACCCAAACGCTTCGACTCCGATTA  
CTGCGTCTGGCTCCCAGGGTTCAACCACAGGCCGTCACTACTGGGAGG  
TAGAAGTCGGGGCAAGAAAGGTTGGCGGTGGGGCTGCACCGAGACG  
GCTCGACGCAAAGAAAAACATGGGGCTCATCAAAAAGGGAGATCTG  
GTGTGTTGGCACCAATGGGAAGAAGTACCAAGCGCTGACGGCCATGGAGC  
AGATGGCTTGTACCCAGCGAGCGGGCCCGCGCTTGGTGTCTACCTG  
GACTATGAACGGGGTCAGCTTCTACAACGCTGAGAGCATGACCCA  
CATCCACACCTCAACGCTTCCCTCACCGAGCGCATCTCCCTTCC  
GAATCCTGGCTAAGGGCACTCGTATCAAATCTGCACCTGATGGCCCTCC  
AGCTTCTGATTCTTCCCTTCCCTGCTCATCCTTGGGT  
CCCACTTGGGACCAGACGCTGCACTTGTGTCGACCTGCTTGTCA  
CAAGGCCTTCCCTCTCCTGTCCCAGCCTCTGTCCACGTCCAA  
CTCTTCTCCGGGGTCGCGATCCCAGGCTGGTTGGTTGGAGAAGGGATC  
CAAATCCTTGTGGAGGTTTCCCTCAGCTCTGGTGTATGGGCTCC  
CCTCTGCCCTTCCAGTCCCTCGCAGCAGCTTCAAGTGTGCTCTCCCG  
TTTGTAAAGCCTGTGGTCGAGCTTGCCTTGCCTCTGGAT  
GCAGAGCTCGAGCTGAGGATGCTGGGTCTGTACATTGTGACACGAGCAC  
TGCTTGTGCCCTTGGCATTGCTTCTGAAAGTCACTCAGATGCACCA  
AGGAGCCTCATTCTTTATTTCAGTTCTGGGGCACAACCCCTGCC  
CACCTCCCACCCAGCCACCATCTGGACCTCAAACCTCCACGTTCTCCTA  
TTCTGCCACTGTCA ~~REOULE DE RENFORCEMENT (REGIE 26)~~ TGGGG  
TCTCCAGCTCTCCCTCTGCCCATCATTCCCTGCCAACCATTTCTGTG

17/110

AGAGGAGGAAGATGAGCTGGGGAGGAAGAGCTGGACGTGGAGCAGGAGG  
AGGAGGAGGAGGATGGAGGCAGGGAGGAGGAGGAGGAGGACGACATGTGG  
AGCGAGGAGGAAGAGGATGGAGAGCTGTGGGAAGGTACTGGGGTCTGGTT  
TGGGCCTGCCCTGTTGAGTGTCTTATGGATGAGTGAAGGAATTGGGTGC  
ACCCTCACTCAGTTGCAGATGATGCTAACGCTGGGGTCTGGACTGGCCCAGTGG  
GCCTGAGGGTAGGACGCCCTACGGTGGGTCTGGACTGGCCCAGTGG  
CTGAGGGCAATGGGTGGAGTTCAAGAAGGACCGAGTGCCTGGTTCTGCAC  
TGAGGTCAACAACAAACCCATGCAGCTACCTGGGTAGAGCAGCAAGAGGCC  
GCTGTGTGAGGGAAAAGGATTGGGGTGAATATGAGCCAGCAAGAGGCC  
AAGAAGGCCATGGCATCCTGGCTTGTATCAGAAATAGAGCAGCTAGTGG  
GAGCAGGAAGTGAUTGCACTCTGTACTGGCACACCTCAATGCTGCACCC  
AGTTCTGGTCCCCTCTCACTACAAGAAAGACATTGAGGCCAGTGAGGA  
TGGTGGGGTTGGACTCAATGATCCCTGAGGTTTTCAACCTTGATGA  
TTCTGTGATTCTCAGACCCCGTGAAGAGGAGCTGTGGATGGAGTGGT  
CAGGGAGAACTCTACTTGGGACGATGATTATGATGAGGATGTGATGGA  
GGAGGATGTGGAGGAAGAGGAGGAGGAGGAGGATGAAGCGCAGAGCCCTC  
CGCCCCCTGTCCCTGCCCTGCCGCCCTGCCGCCTGCAGACCTCACCTGC  
CCCCAGTGCCGAAAACCTTTTCCAGAGGAATTCAAGACCCAAACCTCCA  
GTTGGCAAACATGGTGCAGATCATCCGGCAGCTCCACCCGACCCGCAGC  
GCCTCGCGCCGCCGCCCTCAGCCTCAGGGGGTCTGGGGAAAC  
CCAGGGATCCTGGTGGCAACAGGAGGTGGGGTGTCCGAATCTGTGCGA  
GAAGCACCAGGAACCCCTGAAGCTGTTCTGTGAGGTGGATGAGCAGGCCA  
TCTGCGTGGTGTGCAGGGAGTCACGGAGCCACAAGCATCACAGTGTG  
CCCCCTGGAGGAAGTGTGAGGATTATAAGGTGGAGTTGGGGAAAGGGTC  
ACGGTGGGATAGTGGGTGAGGTGGGGTTGGGGAAAGGCTGTGGTGGAGA  
AGGCGGGGTTGAGGGAAGAGTTATGGGAGAGTGGAGGCTTGAAGGGAAA  
GTGAGGTTGGGATCAAGCTAGGTTGCTTGTGAGCTGGTTGGGGTGGAGA  
GGCGTGGGAGGCTGGAAACCACACTGCAATGAGGAGGTGGAAAGGGTC  
TGGGTACCCATTCTGCTTAAAAACACCTTCCCAGCACAGTTCTCAGA  
GAAAGCAAAGGGAAAGTGGCGTGAAGTTGGCTCTGAGGTCCGTTTCA  
GCTCTGCCACCAAATTAGGGACAAAAAGAGGCAGTACAGACAGAGGGATTGC  
CCCAGGCAGGGTTGCTGAGTTGTTCTTCCCTCAGTACAAACTCCA  
GAGCCATTGGAGCCACTGAAGAAGAAGCTGGACGCCTGCTGAAGCAGA  
AGTCGAATGAGCAGGAGAAGATCACAGAGCTGAGGGTAAGAGCTGAAGGT  
TTCTGTGCTTCAAGAACATACAGGAGAACATCAGGGTTGGAAAGAGAC  
CACAAAGATCATCAGTTCAACCATCACCGCTGCTGGAGTGTGCCTTGG  
TGGCTGAGCAAGGAGAGAGAAGCTTGTGCTGCTCTGAGCTCTCACCGA  
GGCATCATATTCCCTTCTGCAATTATTGGCTGTGAGGGCTTGGAAAC  
GGTTTCCCAGTTGAATTAGAGCTTAATGAGAGCTTGTGTCCTCAGTGT  
TGAGTGGGAATTGGTGGTTGGGAGCTGGTATTCTCATTGAGTTGAGG  
ATGCTCTACATCTCTAAACCTGTGCAGACTTGCTCAGTTCTGTCTGTGG  
TGCATTCAAGGAGATGCGTAAGCTTATGGTGTGGTGAAACTGAGAGAAG  
CATAGCACAGCAGCCAAAAATGAGCTGATCTCTCACCTCCCCCTCTGC  
AGCAATTCCCTAATGCTTCTCCCTCTGCAGGAAAAGATGAAGCTGG  
AAATCAAGGAATTGAGCTGTGATTGAGCTGCTCCACCAAGTCTCATT  
GGGGAGCACGTGCTGCTGCACCAGCTGGAGGAGCGCTACGAGAGCCT  
GCTGGCCCGCAGAGCAGCAACATCAGCCAGCTGGAGGAGCAGAGTGCAG  
CCCTTAGCCGCCTTATCACGGAGGCAGAAGATAAGAGCAAGCAGGACGGG  
CTACAGCTGCTCAAGGTCTTCCATCCCTTCTGTCTTATGGCAA  
AGCGATAGCACGATGGTGGGAATAATGCTCCAGAAAAGCTTCTGTGTCATG  
AGAGAGTGCCTTATGTTGGGCTGGGCTTGTGTCATG

AAGATAAGCACTTGGTGAGATTCCCTCATAAACACCCCAAAACGGCGGC  
CCTGGGGTGTGTTCTGTATTAAAGAGCCCTCAGTGGATGGTTTGCA  
GGGCTGTGGTCAGAGCAAGCATCAAAGGAAGGAGAGGGCAGTAATGT  
TGCAAAGGGCTGACGGCGGTGGTGCAGAGGGAGGGATGGGGGGGATG  
CGCCAAGCAAAGGGTGGCGTGGGTTACCCGCAGGGATGCACTGCGCCCT  
TGGCTCCGGGTTTGGGACCGTACCTGTACTCCTGGGCCCTGGTGGG  
CAGGGAGCACAGCGTGGGAGCGGGTGCCTGGACGCCTCGCACTGCGCG  
CAGATAGGCTCTGGTCCTGTGCAGAAGAGCTTCAGAGCCTCGCGGTG  
CTGCTTGCACCAACCGAGGAATGCAAACACTCAGCTGCCGGCGATGCTGG  
CGATATTGCCAGCTCTGCTGGGCGGAAATTGGTGCACAGCCGTT  
TTCCTGCACTCGGGACAGGGAAATTCCCTCCAGCCCTTCCAGCAGCG  
GGCGATGCACTCCCGCAGAAGTTGTGGCCGCAGGGATGGAGACGGGAT  
CCTGGAAGTAACCCAGGCAGATGGAGCAGGAGGCTCGCTGCAAGGCTG  
TCCAAGGGCTCTGCGTGGCATGGCTTCTGCTGGCTCCGATCCGCA  
GAGGGAAATAGGGACCTTCTCCTTATCTCCTCGCTGATAGGAGAAATC  
CGGCCCGGAGGCTGAGCCTGAGCCAAACAGGGCTGGAGAGCTCAGGCC  
ATAGGGGATGCTGGTGGGAAATGGGGCAGCTCGCGCTCCCCAGCACGGA  
GTCACCAAACCTGGGGGATCTGGGGAAATTGGGAGGCAAGTCAAGATT  
TGTCCCTCCTCGAGCAGCAAAGAGGGCAGGGAGGCATTTTCCCTC  
TGTGCGATCACTGTAAGGAATTCCAAAGAAAACGCATGGAGGTCTGCTT  
GTTGGGATGGAATATAGACGTATATTGGAATAAAATACAGGAAGACGTTGG  
AACATGGGAAGGCACTGAGATATAAGCGTGTGTTGGATATGACTCTG  
CTCGACTAAAGTGAAGGTGGTTTATAGCACTGCTCAGAGCCAGGCAGGG  
TTTGGTGTGTTGGGGAAATTACGTGGTTGGAAATTGGGAAATATG  
AGACGGAAAATAAGAATAATGGAAGCGCCAACGTGGGCTCGAACCCA  
CGACCCCTGAGATTAAGAGTCTCATGCTCACCGACTGAGCTAGCCGGGCT  
GATGGGCACGCACCCCTCAAGCAATACTCATGGTATCCTGCGGAGGG  
GTGCTAATAATTCTACCTAATTATTGTAATTATCCCGTAATTATGG  
GTTCTGAGCAATCGCAATCCACGGGAAGAGCTGCATGGGAAAAAGCA  
CCTATCCCTACGGGAATAGCCGGGAACTGCCCGCAGTGCAGGGCG  
GGGAAAGAGGGAAAAGCAGGAAAAAAATGGCAAAATGGAACGTTAAA  
AGTGGAGAAATTACAGTAAAAAAATGCAAGGAAGCGTAAAGTAAAGGC  
TGTGTTCTGCCGGTTCAACCGGGGACCTTCGCGTGTGAGGCGAAC  
GTGATAACCACACTACAGAAACGCGCTGAAGGCCGCTCGCCGCACG  
GAGATGTGAAGGGCGAATGCCGGGCTCGGTGCGGAGTTGCAGATAGG  
GCCGCTCCGGCCGCTCCCGCAGGGTCCGGTGAAGCACAGAGTCAGC  
GGGTGACAAAATGAAGGGAAAATGTAAGTAAACTGATGCTCCGAATCGAGG  
CTCGAACCGCCATTGTCGACTGACAGCCCGCGCTCACCGACTGAGCT  
ACCCGGAGACAGAGCAGCCGGAAGTCACGCCCGCTAGAGCGCCCACCC  
GTTGCCTAGTGACAGGAGCGCCGCTCCGGTCAAGTGATGAGCGGAGGG  
GCGTGGCTTGTGTCAGATAGGACGGAAGTCCGGTCAAGTGAGGG  
AGGGGGCGTGGCTTGGCAAAAGGGACGGAAGCGGAAGTGCTGCCGTT  
GGTGGCGGAGTTGCAACCATAAGAAGAACGACGGGGCGTGGGAGGGCG  
GGAGGTAGAGCGGTCCCCGGGGAGAGTGCTGACGGAGCGGGAGGGCCCG  
AGGAGGGAGCGGAGCTTACGGGGAGTGCGGAGCCTCGAGGCCGGTCCCA  
GCCCTCGCTGTGGGCAGGAGAAAGGCTCGGGGAGGAGGAAGAGGGC  
CTCCSGGCCWSSCSATGGAGGCAGGTGGCGACGATGGGCGTCGTGGGG  
CGGCTGAACCCGGTGGAGACGCTGCAGGAGGAGGCAGTCTCGCCATCTG  
CCTGGACTACTTCGTGGAGCCGGTGTGCACTGGCTGCCGGCACAACTTCT  
GCCGGGTGTGCACTCGCGCAGCTGTGGGGTGGAGGAGAGGCTGAGGTGGAG  
GAGAGCGGGGGGCGTGGGAGGGAGGGCTGAGGAGCGGGAGGGCCCG  
FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 261) GCTGGAGGA

AACACGCAGGGCTCGAAGCTGAACCTCTCGGGGTTCTCGGGGAGGTCTG  
 TGGCACCACTGGCCCCGGGCTTGTTCGGTCTTCAGAGAGATGGAGGT  
 TGGGGTGAGCGGTGGTGGGTCCATGGTACGTTGGCTGTGGGACATGAG  
 GGGGAATGGAGGTAGGATTAGGCTTGGGGGAGCTGGAGAGGGTCTCT  
 TCCTTCTGTCTTCTCTGGGTGCTTGGACATGGGCTGGTGGTGGT  
 GTGGGGTGTGGTGGCTGGGTGATCTTGGGTCTTCCAACCTT  
 TGATTCTATGGGGTGTGGCTCCACCAGCCTCAGTGTCCCCAGTAG  
 AGATGTAGGAGAATGGGGAGAGGACAAATTAGGGCAGCATAATGC  
 AGGGACAAAGACATGGGAAGGGGACAGCTTGACATTACGGAGGGGAGG  
 GGAAGCACAAACACTGTAGGTTGCCTGAATCTGTTACTGGCTTGT  
 AGGACCAACCAGCATCAGGATGCTGTCCCCATTCCCTCCCTGTGG  
 ACTGCGTTGTCTTCCAAGAAAACACTCCCCACCCACATCCAC  
 TGCTGACATACCTGGCTCTGCAATTGAAACATCAGGCTGTCTGAAAAGG  
 AGAACAAATTCACTGCATTGGTTATGCTCAGGAAAAGGGCTGGAG  
 ATGGGGAAAGGGAAACCATGGGGGTCTGGGGGCTCGCAGTGCAAAAGCTC  
 TGGGTTACTGCAAGAGCCCCACGACCCCTCCAGACCTGGAGGAGACCC  
 GACCCCATTCAGTACCTTGGCACTCTGCAGCGTCACTCACAGGACG  
 TTCTTCTGAAGGAAGTCCTCCAACCTTCTTCCAGAGTGGGGAAATCTC  
 TGCTGGAGGGCTGAACCTCATCATCTCACAGCTGCAAAGAGAGGGAGAAGG  
 GTGGGGATGGGGGACTGTTGCGTTGGTGGCTGTTCAATT  
 TCAATAGGAGAAGCTATGGGGTGGAGGATATTGACAGGGACGAAATCCC  
 TTCCCCCTGGATCCCTCTGCCTGAGCCCTCCCCAGGGTGCATC  
 CAAAAATCAGGGTGACAATAGGAAGGAGCCATGTTACCTATTCAAGAGCC  
 TCCTGATGTCCTAAAGGTGGAGGAGAGAGAGGAGATGGATCAGAAGAGG  
 AGCACCAAGGGCTGCCCTCGTATGCAATGCACAGCAAAGACCC  
 GCCCACGGITGATCCCCCCCAGCAGCAACACAGGGAGCTCCATGGGGT  
 TGAGTTGGTTCTCAGGGTTGCTCTGCCCCATTCCCACCA  
 TTTGGGTTCTCACCAGCAGGAATTGCTGTCGGGCTGCTGGAATTGCCC  
 TCCATCTCCAGATCAGGGTGTCAAGGTGGACATCTCCTCCATCACCT  
 CGTCACCGCATTCTCTGTACTTGGTACGGCTCTGTCAGGTCTGCCA  
 GCTGGACCAGCAGGAAGCGCTCTCTCAGAAATCGCTGCAACTGC  
 TCGAATTACACACTATCCTCTCCCTCTGGTTCTCTGTG  
 GGATGAGGGAGAAAGCCAATGGGTGGAATAGAGGCAGGAAGACCCCC  
 TGGGGTCTCAGGATGCCGTGTTCTGGGGATATCCAACCAAAACCAATGG  
 GGATGTAACACCAATGCCAATGGGAGCACAACACTAATGCCAATGGGAAT  
 TTATCACCAGTGCCAATGGAACGTAACAACAGCGCCAATGGAACGTA  
 CACCAAGTGCCAGTGGAAATTACCAAGTGCCAATGGGAACCTAACATC  
 AAAAACCAAAAGATCATCTGCTGGCATTGGAGCAGCAGGAATT  
 CAGGAGTTTATCCAAAAGCAAAACCAAGGGAGGGTAGGAGATGAGC  
 TCTGTATGAGGGATATTACAGAGTTAGGAGGATCTGCTACGTTATCTC  
 TTTAACACAGGGTTCTCGTAACCCAGCTGATAAACACAGCCTTAGC  
 GCTTCTCCAGCCAGCTGCGAGCCAATGCAATCTGCCCCAAAAT  
 ACACCAAAACAAACAGGACAGGGCGGAGGGAGGCAGACACCTCCCCTG  
 CTGCACCCACCAAATACAAGCCGTCTTCCACCAAGTCCTCTGCTTCC  
 AGGTACTTTCCCTCTCCCTTGAAGCCTGGAGGCAGCCTGAATT  
 TTCCCTGTGCCAAAAGAAGAAAGGCAGGAAAGCCTGTTTCCACTTAAC  
 GCTTCTGTCAGATGGGAGAGGCTTGCTAAAGCCTGGAATCCTCTGCAAG  
 GTGCAGAGCTGGGCAGAGGGAGCTCTGAGCACGGTGTGCTGCTCTGG  
 AGCTCTGTGCAAGCTGGAGTATTGCAAGAGAGAAAAGAGGGAGAAGG  
 GAAGGAAACACAGAACCTGCAACCTGCAAGGAGGTGTGGAAGGGC  
 TGCACCAAAATCAGCACTGACAGCTGCCAAGGAGGTGTGGAAGGGC

CAAGAAGGGCTCTGTCTTCTGCCTGGAATCTGAGCCCTCCCTACTGG  
GGCTCAGCTTCTTCTGATGCAGAAAGTGGAAAATAAGAGCAGTGGGA  
CTGGAAATACCAGGGGGACTCATGAGTGGCATCCCCACTGGAGGAGCT  
CAATGGTGAGCTGGAATCCTGCTAAGTTTATCGAATGTGGGGACAGG  
AGGAAGAAATCAAACCAAAAGTCATGAACAGGTGGCTGTGAATTGGGG  
GCAGAAAGCTGAGGGCCCTAAAAGCACAGGAGGCAAAAAGGATGGAGAGA  
AACGACCCCTACTGATGACACATCGCTGCCAGCAGCTGACACCTACCAAGA  
TCCTCCAGGTTGGGCACTCCAGGGCGCTTCTTCTCGGAGACTTCT  
CTCTCCTCCTTGGAAACCCCTGATATCCCTCTGAGTTCTTCCCCAGTG  
AACCCACAGAACCTGTTTCAAGCCCTTGATGGGGTTGGGTTTCC  
CTTCCTGTTCCCTCCAGTCTGGGTAGAGCTATGGGATGGCTGCGTTGA  
GCCTGCAGGTCTGCTCCTGGTGGCACCCCTGGCAGGGCGTGTGGAGCT  
CTGGGTTTGTCTTGTCTTCTCCCAGTTCTGTCCCGGGGAGATGCT  
GAACAATGTCACTTGCAAGATTGTCAGCTTCTTCTAGGATCGAGCCA  
TCGGGAGTGGGGTGTAGGGGTGATATGGGAAACATAAGGAAATAGGG  
AAGGAGATGCACAGCCGGATCCTTGTGGGATGTGGAGGAGCACAAGTGA  
GGATCTTGGGATTGAGTGCTCTCAGCCCAGCACTAACACAGAGCAC  
TCACAGCCCTGGCTCTGAGCTCTGAGGAAACATTCCAACCATTCTGC  
CCCACTGTCCTTGTGTTGAGCCCCATGCCAAATACACATGCCTAGAAA  
TAAAGCCATGCATTACATATGTATTAAATTGCGTGGCAACCAACTGAG  
ACCCAACGGAGGAGATAACTGCCATTCACTGGCAGGTTGCAGGGGT  
GAAC TGCACTTCCAGCAAACCCCTCCCTGTTGGGAAGAGCCACAGGGATGG  
ATGGCACTCTGGAGCTGAAGAACCTCCCTGCAACCGCTC  
CCCTGGGGCACAGAGCCTTCACTCCAAAATAAGCGTCCATCATTGAGC  
AAATGAGTCACACCGTTGGCAAACGACTTGCAATTGCATCCCAGGAA  
TTAATTGCAAGAGCCTGGAAAATAGCTGGCTGGAAACATCTGCATTGCA  
GATCTACGGAGGAGAATAGACCTGAACAGATCCTCACCCAAATTCCCC  
AGCAGGTGGGACCAAATGGCAGCGATGCGTGGGGCTGAGGAAAGATACCA  
ACACATCAAAGAGCAATTGAAATTCACTGAGCTGAGGTTGACCTTGG  
GGTGGTGAGGTGGGGCTTGTCACTGGGATACCCACTCATATGCATCTGC  
TATTCTGAGCCTGATGTCGCTGCTCCCTCCACCCCTTTAGTTCTC  
TTCTTGGTTCTACAATACCAACCTGTGTTGATTTGGTGTGCTGCCTGTC  
CTCTTTGGGCTTCTCAGAAGAAAATGGGTTTGAGGAAATCCATTCA  
GGTGA GTCTCACCCCAAGCAGCTTCACTTGTGTTGGCCAAAGCT  
GACCCAGAGCCATACACCCAAAGCAAACCCAGAGGCCGTACACCCATAATG  
AGGCAGGAAGTGGAGTGTGCAGAGCACATCTTAAATTAAACTAT  
CAGAAACGTAGGCAGAGACCAGCTCCCCACACCAGGCGTGTCTTGC  
GTGAAAGGCCGCATACCTTGCAGGACACCCAGATCTGCCCCACGATTG  
ATGTCAAATAGATGCATAAAATTCTTCCAAGTCTCAGTGTCTCTGGT  
GGTTCCCCACCCCTGCAGAGGGACCGCCCCGGGCTCCAAATGGGACAG  
ACACAGGGCAGAGCAGCGGGTCCCTGGCACATTGCTCCAAGCAACCAC  
AGCACACATCCCATCAGATGCCCTTCAAAAGGACATCTCAAGGACAG  
ATCTTAAAGGGAGATCTAAACCCAAACCAATCCAAATGGGACATCAGCTG  
CCCACCTGTGGACTGCTCTGAGGGGGATTGGGTGATCTCTTGCA  
AGCGAGCCCCAGCCCTATCTTGAACAAAGGGAGGACCTCTCCCCATTG  
AACAAAGCCCTGGTGTACACCAAGATGGGGTGTCACTCATCCGAGCTGAA  
GAATGCCACCCGACCCCTTCTGAGTCCAGGGAGACCCGAATCCTCTGG  
GAAGTGCATTCAAGCGTAGGTTGGCACGGGGAGACGTGAGGGAGTGGTAG  
GCCTCCAGCGCCCAGACACCCCTTTGGGGCTGAAGCTCATGGGTCCCTT  
CCTCTTCACTGAAGC ~~EEWICED~~ REPLACEMENT (REGIE 20) CCCCCCTGTC  
CCACCTCCACCTCCCAGAAATGCCCTCCCCGAGGTGAAGCCCTGGCAGCCC

21/110

ACAAAAGATGAGCCCCCTTCATCAGCATAAAAAAATGCCACCGTCCCTCC  
 AGCGTAGTCCAAGTGGACGCTGACCCCTCCTGGGCACCCAGCGCAGAGCTA  
 ACAGGGTCACCTTGTGGTGGTGAGTGCCGACCTGTCCCCCCCCATTTC  
 TCCACCCCCCAATCCCCCTTGGGACAGAGGGCTGAGTTGACCCCTTCCG  
 AGGGATGGATTCTCGGGCCACACCGATGGCCCAGTCCCTCATCCCCCA  
 CTTCCACCTCCCAGCAGTGCAGGGCAGAGAAGCTTGGTGGCCAAA  
 ACAAAAGGGCCAGTAGGCGAATCTTCGGGGTTATCAGGAAGGTCTGTTG  
 TCCTTCCCCACGTTACACTCTTCGGTCTTCGGAGAGGATGAGGTCAAG  
 GGTGAGCGGTGTCGGGGTCCAGGGTATGCTGGCTGTGGGTGGAGAGGA  
 TGAGGAGTGTAAAGTTGGGTCTCGGTGCTGAGGCCATGAGGATGCCGA  
 GAGCTGGATCTCCAGCACTAAAGGAGTTGGATGTGCTAGATGGCCCC  
 ACCTGAGTAGGGTTGTAGGGTGGACCGTCCCTCCAACCTCAGCCATTC  
 TGTGGGCCATGGGTGGCATCGGAAGGGTAAAAAGTACCAAAGAAGAAA  
 GTAAAAAAGGTGAGAGGTGGAAACCCCTCATGTGCCGTGCTATATGAC  
 AATAAAAGTGTGAGCCCCCAGAATGCCAGAAATAAAGGCCTTCTG  
 CAGACCTTCTGTCATTGGTCAAAAGAAATGGTGAGGGGAATAAAATG  
 GAAGGAAGGAGATCTATGGGATTACCTGCAAAGTCTGCACTGCTTCA  
 CTCCTAGACCAACCCGGACCAGTTCAAGCCACCCATGGTTAAAAAAC  
 GAGCTGAAATCTGAAGGCAGGGATAATGAATGAGTTCAACCCGCTCACCA  
 TATTGTTATGGGAAATGGATATTATCAAGGCAGGGATCTGCCCTGG  
 GGCCATCATCCCAAATTACAGCCAGACTCGGCCCTGCAGGGTGAAGAAAAC  
 TTGTTGGCTGCCCTGATTGTTGTGATTCTCCCTCGGCATCTATT  
 GTCCATTGGGTACAGCCTATGGGTCCAGGCAGCCTCCATCTAACAGGT  
 AATGCGGCTTAAAGGTTCTCATGCTCAGCAAAAGGCACCTTAAAGG  
 GAAGCTGGAGGGGTGCAAGGCCAGAGCAGGCCGTCTCACCCCTGAG  
 CACTTCTCAGGAATTACAGCAAAACGTGAATTAAAGAGTGGCAACCGGG  
 TATCGAGTCCTCGGGTCTCAATTATTCTGAGTGGGAATAACCCGTT  
 GCTCTCCATCTCTGCATTATTCTGCTGCAGAACGAGTGATGGCTGC  
 TGGTTTCACCAAAATACCACCAATTCCACCCGAAACCTCTGAGTAC  
 CTTGAAGCCTCTCAGGGTTCTCAGAGCACCGTCTCCATGAGGAA  
 TGGCACAGCCTCTCCGGCCCTGGAGAAGGCCCGCTGGCAGCTGGAA  
 GGTCACTTTCCACACCTGGAGGGAAATAAATGCATTTCAGGTGGTTG  
 TATCACAGAGCATGCCATCACTCAGGACAGCAGAGGCCAGCACACGGCG  
 GCCATCCCCAAATAACCCCTCAGGGCTCGCAGTCCCTGGAGCAGAAGA  
 GCATTCAATTGAGCTTCTCCTCCATGGTCACTGCCTGATGCAAAGCT  
 CACAGAACAGCTTTCAGAGAGGCCACATACCTGGTGAATGGGCTTTCA  
 CATCCTGGGGACAGAACAGAGAGGGAGAGGAAACTCAGGTCACTGCA  
 TGACCCATTGCTTAAAGTATGGAAATTGAGCTTTGAGTGGGG  
 TGGACCTCTGGGTCTTCCAACATGTGCCAATTGACTTTAAGTCATA  
 GAAAAAAGTGAATTGTTGACTGGGATGGATCTGTTGGTCTTCAACAC  
 ATGGTCCATTGCTTAAATCATAGAAATAAGAATTGTTGACCAGA  
 GATGGACCTCTGGGTCTTCCACGAGGAAGGTGAACCAACTGAGGAG  
 CATCCATGCACGGCAATGAATCCTGCAGATCCACCCACTGCTGCTCTCC  
 CAACCCAGCCGTGGATTCCCTCTTAAACAGACCCATGAGGACCTTC  
 TGCAGTAAGGTAAAATACTGGGAATACTGAGATGAGGATAAAACGGTGG  
 GGGGAAAGAGGAGGCTGCAAACCTCCATCTCCTCATTGTTGGTGGGGTTT  
 CAGGCTGATGGAACGGCATAAAATGGGAGGAAACACCCAAATTAAAGGCAC  
 CATGCAATTGGTGGGGGGAGGACATCCCTAAAGGACTTTCCCT  
 GAAAAAAGCTTCCCTGGAGGAATTCACTCACCGACTGCTGGCTCTCTC  
 CCTGTGCTTCTGATGCCACCCGCAATTGCTGCTGCTGCTCTC  
 CTTTCTGCCTCTCAATTCTCATTTCAGGCTTCCAGCTGCCAGAG

22/110

TCGATCACACGTTCAATGTTGGTATCAACACCAAGGTTAACTTGAACCT  
 ATCGGCACGTACGGTACCTTGGTCTGCGCTGGCTCATCACGCTGGATAC  
 CAAGGCTGATGGTAGATATTGGTACCGGCTGAGGTGTTCGATTGCC  
 GCTGCGTGGATAGCACCATTGCGATAGCGGCGTCCTGATGAATGACAC  
 TCCATTGCGAATAAGTCGAAGGAGACGGTGTACGAATGCGCTGGTCCA  
 GCTCGTCGATTGCCCTTGTGCAGCAGAGGTATCAATCTAACGCCAAGC  
 GTCATCGAAGCGCAATATTGCTGCTACCAAAACGCGTATTGACCAGGTG  
 TTCAACGGCAAATTCTGCCCTCTGATGTCAGAAAGGTAAAGTGATTTT  
 CTTTCTGGTATTCAAGTTGCTGTGTCTGGTTTCAGCAAAACCAAGCTCG  
 CGCAATTGGCTGTGCCAGATTAGAAGGCAGATCACCAGACAGCAACGC  
 GCCACGGAAAAACAGCGCATAACAGAACATCCGTCGCCGCCGACAACG  
 TGATAATTATGACCCATGATTATTCTCTTACAGCTGAGCTGAGCCTGTCG  
 CACAGCAAAGCCGCCAAAGTTAACGGTTGCCAGGCTACAACACTGAAA  
 GACTTTACGGTGTGCGCGTGCAGTGCAGTAAAGACTGATTATCAA  
 CCTGTCTTATATCAGGATTCAATTACCTGACTATTGTGGGAAAGTTGCG  
 TAGTGCCTGATCGTGCACAAATGATTAGTTGGGAAACAGITCGCAACTC  
 TGTCCCATAAAATCAGCATATTCCCATCTATCCCATATCCAGCGCATTG  
 ACCATCGGGATACTGAAGGGAGATTCCATCATCTCTAGAAAGATCACCA  
 TCTCTTGTCAATTGCAATAGCTACCTGGAGGATTATGAATAACA  
 AGGATTTCATGGACTATTACCATGAGATTGATTCCATCTTATTGCG  
 GAGAGCAGTGGAAAGCGATGACGATGTGGGTAACATTGCGCATTCAAC  
 TACTTTGTGAGCGCATGGTCAAGCATGGATATGCGCATGCTGTGACTGC  
 CAAGATCCTCTACGCCGACGCATCGTGGCCGGCATACCCGCCACAG  
 GTGCGGTTGCTGGCGCTATATGCCGACATACCGATGGGAAGATCGG  
 GCTCGCCACTTCGGGCTCATGAGCGCTTGTTCGGCGTGGGATGGTGGC  
 AGGCCCGTGGCGGGGACTGTTGGGCGCATCTCCTGCAATGCACCAT  
 TCCTTGCAGGCGGGTGTCAACGGCCTAACCTACTACTGGGCTGCTTC  
 CTAATGCAGGAGTCGATAAGGGCATCGGTCACGGGATCACGTTGTGTC  
 CCTGAAGCTCTCCTGTACCCAAACACAAAGGTGATGTCCTCAGCATCCCT  
 ATCCCAGCACTCTGGGGACTCCTATTGAATTCTCCTTGGGCTGCTGC  
 CTTCTCTCCGTTCCCAGAGATCCCAAAGGTAAAGCACCTTGGGTC  
 GTGTTAGAATTGCACTGCCAGTTGGGATCAGTGGCAAATTGAGA  
 CCCTTTACCAATCTGCACCACTCTGGTCCCCAGTCTTATGGTTTA  
 GATGGAGTAAAAAGGTTATATGTCATAAAGTTCTCTGTCGGTTAT  
 TCGCTGCTTCTGGATGCCAGGATCATGGGATAAGGGAAAACAATGGG  
 TCTCTTATGCGTAGAGATGCAATCAGATGGGAGAAAAGAAATCTTAAT  
 CTTTCTGATCCATCTGACAGATATTGAGTACAGCCCTGAGGATGGG  
 AATAAAATCTNGRAGAGITKGTGGCAGTCCAAAGTGSCTGTGTTGGAA  
 ACCAGAAAATGACTAACCCATTGGGAACTCCCTGAAAGCATTGTGTT  
 GATCCATGCAAGTGGGTATCCCTGAAAGCATTGTGTTCTGCTGCTGCT  
 AGCGGAGAGAAAGACACAGAGGGAAAATTAAAGTGGTTATTGTTAATT  
 TTGTACACTCTGAGGTTCAAAATACCAAAATCTTAAACGAGAGCGGACCAC  
 TTGATTGAGGGTGAACATCTCAGATGGGACAACGTACCTGATCAGGC  
 AACCTGGGGAAATTGCTTCTGCCACTCTTGGGATTTCC  
 CTTTGACCACCAATTCTACATTCTAATCACCCATTGCAAGCACTCTCC  
 CCCTTTTGTCCCCATTCTCTGCTCAGCACTCTTAACAATATA  
 ATATAAAATCAATATCATATCAATATGATTCTATGCCAATAGATTAAATGGG  
 GATGAAAGACACATAAAACCAAGTCCTCATTCATCTGCTTCCCATGG  
 GATGGGTGGGGAGGTGGCTGCCCCCTGAGGCTGTAGGATGTGGGGTACCC  
 CTTGTCTGTCTCACGGGACACAGCCTCACCTGGACCTGACCCCTACCA  
 CCCACAGCCACGGACGGACCCCTCTCCACAGGAGAGGATGCAATGGGAAAA

23/110

CGGTCAAGCCCATTGCCGCCAAGCTCTCAGCAATATCACGGGTAGCCAA  
 CGCTATGTCTGATAGCGGTCCGCCACACCCAGCCGCCACAGTCGATGA  
 ATCCAGAAAAGCGGCCATTCCACCATGATACTCGGCAAGCAGGCATCG  
 CCATGGGTACGACGAGATCCTGCCGTCGGCATGCGCCTGAGCCT  
 GGCAGAACAGTCGGCTGGCGAGCCCCCTGATGCTCTCGTCAGATCAT  
 CCTGATCGACAAGACCGGCTTCATCCAGTACGTGCTCGCTCGATGCGA  
 TGTTTCGCTTGGTGGTGAATGGCAGGTAGCCGGATCAAGCGTATGCAG  
 CCGCCGCATTGCATCAGCCATGATGGATACTTCTCGGCAGGAGCAAGGT  
 GAGATGACAGGAGATCCTGCCCGGACTTCGCCCCAATAGCAGCCAGTCC  
 CTTCCCGCTTCAGTGACAACGTCGAGCACAGCTGCGCAAGGAACGCCGT  
 CGTGGCCAGCCACGATAGCCGCGCTGCCCTGCTGCAGTTCAITCAGGG  
 CACCGGACAGGTGGCTTGACAAAAAGAACCGGGCGCCCTGCGCTGAC  
 AGCCGGAACACGGCGCATCAGAGCAGCCATTGTCAGCTGGACCTGCCAGTC  
 ATAGCCGAATAGCCTCTCCACCCAAGCGGCCGGAGAACCTGCGTGCAATC  
 CAITCTGTTCAATCATGCGAAACGATCCTCATCCTGTCAGTTGATCAGAT  
 CTGCGGCACGCTGTTGACGCTGTTAAGCGGGTCGCTGCAGGGTCGCTCGG  
 TATTGAGGCCACACGCGTCACCTTAATATGCGAAGTGGACCTGGGACCG  
 CGCCGCCCGACTGCATCTGCGTGGTCAATTGCCAATGACAAGACGCT  
 GGGCGGGGTTTGTGTCATCATAGAACTAAAGACATGCAAATATACTTCTT  
 CCGGGGACACCGCCAGCAAACGCGAGCAACGGGCCACGGGATGAAGCAG  
 CTGCGCCACTCCCTGAAGCTCTGCACTCCCTCGGCCCTCGGGTGACAA  
 GATAGTGTACCTGTGCCCGTCTGGTGGTGTGCGCCCAACGGACGCTCC  
 GCGTCAGCCGCGTGACCCGGCTCGTCCCGCAGAAGGTCTCCGGTAATATC  
 ACCGCAGTCGTGGATGCTCCAGAGCCTGTCACGTATAACGGTCCCCAT  
 TGAGCCTAGGACCCAGCGAGCCCGTCCGGCGCCGGCGCCGCCGGGG  
 GGTCTGCGAGCAGACCGAAAAGGTACACTCTGGGGCGCGACCCGCC  
 GAGTCAGCGGCCCGCCAGTTACCAACCCCGCACCACACCCCGCCTCCAC  
 GGAGGGCGGGGGGGTGCTTAAGAGGATCGCGCGCTCTCTGCGTGCCCG  
 TGGCCACCAAGACCAAACCCCGAGCCGCCCTCGGAATGAGAGTGGTCTGTT  
 CCTTCCCCCTCCCCCGCGTCAGACAAACCTAACCAACCGCTTAAGCGGC  
 CCCCAGGCTCGGAAGACTCATGGATCGATCCGGAAATTCTCATGTT  
 GACAGCTTATCATGATAAGCTTAATGCGGTAGTTATCACAGTTAAAT  
 TGCTAACGCAGTCAGGCACCGTGTATGAAATCTAACAAATGCGCTCATCGT  
 CATCCTCGGCACCGTCACCCCTGGATGCTGTAGGCATAGGCTGGTTATGC  
 CGGTACTGCCGGCCTCTGCGGGATATCGTCATTCCGACAGCATGCC  
 AGTCACTATGGCGTGTGCTAGCGCTATGCGTTGATGCAATTCTATG  
 CGCACCCGTTCTGGAGCAGTCCGACCTGCTCCGACCGCTTGGCCGCCAGTCC  
 TGCTCGCTTCGCTACTGGAGCAGTACGACTACGCGATCATGGCGACC  
 ACACCCGTCCTGTGGATCTGCCCTGTTGGCCTGCCCGAGITCTCAACCT  
 CCCGGCGCAGCTTCTCAATTTCAGCATCCCTTCCGGCATACCAT  
 TTTATGACGGCGGGCAGAGTCATAAAGCACCTCATTACCCCTGCCACCGCC  
 TCGCAGAACGGCATTCCCTGTTGCCAGTTCTGAATGGTACGGATAC  
 TCGCACCGAAAATGTCAGCCAGCTGCTTTGTTGACTCCATTGTTCAT  
 TCCACGGACAAAAACAGAGAAAGGAAACGACAGAGGCCAAAAGCTCGCT  
 TTCAGCACCTGTCGTTCTTCTTCTTCAAGAGGGTATTAAATAAAAAC  
 ATTAAGTTATGACGAAGAAGAACGGAAACGCCCTAAACCGGAAAATTTC  
 ATAAATAGCAGAACCCCGCGAGGTGCGCCGCCGTAAACAAGGCGGATCGC  
 CGGAAAGGACCCGCAAATGATAATAATTATCAATTGCATACTATGACGG  
 CACTGCTGCCAGATAACACCACCGGGGAAACATTCCATCATGATGGCCGT  
 GCGGACATAGGAAGGCCATTGATCCATGCTGCTTCTGCTGCCATT  
 GCTTTGTGACATCCAGGCCGCACATTGAGCGCTTTCAGCGCGTTT

24/110  
Figure 6DM

GCACAGGGAA ATGCAAAGGG GCATCACTAG GGGACATGGC ACGGGGCATT  
 51 CTAGGGAGCA TTGCATGGGG ACATTGCAA GGAAATGCAA AGGGACATTG  
 101 CATGGGGACA TTGCAAACAA ATTGAGTGGG AGATTGCRC CCAGATGTTGC  
 151 ATGGGGACAT TGCAATGGAAT GTCCCACCAA CCACCCCTGCA GGGTGACACT  
 201 GGGACCATCC CCAGCTCTGA CCATCCCCC TTTGCTGCAG CACCACCCCA  
 251 GGTCCGCATC GTCCCCATCC CCATCTCCAA CGACCCCGAC ACCGTCCACC  
 301 TCATCTGCCA TGTTTGGGGC TTCTACCCAC CCGCAGTGAC CATCCAGTGG  
 351 CTGCACAAACG GCCTCGTGGT GGCTCAGGT GACACCAAAC TGCTGCCAA  
 401 CGGGGGACTG GACCTACAGG ACACAGGTGG CCCTGAGGGC CAGCATTGCA  
 451 GCAGGGAGCA CTAAAACATG TTCAAGTGTGG CAATTCCAGC TTGGAGCAGC  
 501 CGCTGCAGGA GGATTGGAGT GAGTTTGGGG ATGGGGATGT GGCACCCACA  
 551 CCCCCACAGTC CCCCCACGGTT CATTGTGCC CACGCTGTCC CCACAGGTCC  
 601 CAATTTGTCC CCGGCATGA TGGTGAAGGT GGCAAGTGGCG GCCATGGCGC  
 651 TGACGTTGGG GTTGGTGGCA CTCAGCGCCG GGGTTTCAG CTTCTGTCAG  
 701 CGGCCACGGG GTGAGGGATG GGGATGTGGT GCTGGGGACA TGTGTGACAC  
 751 CGAGGGTCTG GTGTCCAGTG TGGGGTGTAC CTCCCTCATTC ATCATTTCT  
 801 GTGTGGCAGC TCCTGGCGCT GGTCCCAGTA CCCCCTCCTG ATGCGGGTT  
 851 TCACTCCAAT CCTGGTCCCC AAAATGATCC CGGTCCGAGT TCTGGTCCCC  
 901 ATCCCAGTCC TGGACCCAT CCCAGTCCCTG GTCCCCATTC TGGTCTTGGT  
 951 CCTGGTCCCTG GTTCTGCTCC TGGTCCCTAT CCCTGACTCT GGTCCCGGTC  
 1001 CCCATCCGA TGCCAGTCCC AGTCCTGGTC CCCATCCTGG TCCTGCTCCT  
 1051 TGGTTTGGGG ACCTCAATGA CTGGAACCTCC CATGTCCCAA CATGGGGACC  
 1101 CACAGTTGGG GGTGAGGGGC TCTCACCCCC CAATAAAACC ATCTGCAGCC  
 1151 CCAACCTCGC TCCAATTCTT CGTTCCCACG TTGGGTGGGT CGGGCTCCCA  
 1201 GTGCTCCCAG CCGTNTATGT CCCGTAAGCG TCGGCTCCAC TGCATAAAAA  
 1251 GAAAAAAA AAA

Figure 7

Séquence Génomique TAP1  
(Du début de l'exon 2 à l'extrémité 3')

GGC GAG ATG GCC GTG CCC TAC TAC ATG GGG CGA GCC AGC GAC TGG GTG GCC CGC GAG GAC AAG CTG GCA  
 G E M A V P Y M G R A S D W V A R E D K L A  
 GCC ATC CTG CCC ATG GTG CTG CGC CTC AGC AG GTACTGGCATAGGGGACGGGGTGGGGCAGGGGCAGGGC  
 I L P A M V L L G L S S  
 GGACCCCTGACACCCACTGGGTCAAG C GCT GTT ACT GAG CTG GTG TGT GAT GTG ACC TTC GTG GGG ACA  
 A V T E L V C D V T F V G T  
 CTG AGC CGC ACG CAA AGC CGC CTC CAG CGC CGC GTC TTC GCC GTC CTG CGG CAG AGC ATC ACC GAG  
 L S R T Q S R L Q R V F A A V L R Q S I T E  
 CTG CGC GCC GAT GGG GCC G GTGAGGGCACCGGGTGGGGACACGGGATAAGGACAGGGTGGACTGACGGGCTG  
 L R A D G A  
 TCACCCGGCAG GG GAT GTG GCC ATG CGG GTG ACG CGG GAT GCG GAG GTG CGC GAG GCG CTG GGC AAG  
 G D V A M R V T R D A E D V R E A L G K  
 GCG CTG AGC CTC CTG CTG TGG TAT CTG GCA CGC CGC CTC TGC CTC TTT GCA ACC ATG GCC TGG CTG TCC  
 A L S L L L W Y L A R G L C L F A T M A W L S  
 CCG CGC ATG GGG CTG CTC ACC GCG CTG GCG CTG CCA CTG CTG GCA CTG CCC AGG GCT GTG GGG CAC  
 P R M A L L T A L A L P L L A L P R A V G H  
 TTC CGG CAG GTATGGGCTGCTGCTGCTGACCTCCATGTGCCCTCATGTGCCCATGTGCCAGTGTC  
 F R Q

26/110

ACCACCATGACTCATGCCCTATCCATGTGCCACTGTCCCCCATGTCATGTCCCCCATGCCACCATGCCCTGTGTTGCCCCCTGTGACCGGC  
 TGTCCTCAGTGCCCTCATGCCCTCCATGCCACCATGGCTCCATGCCATTATGCCCTATGTGTGACCATTTATGCCCTCATGCCCTGTGTTG  
 CATGGTTCTGTTCTGATGCCCACTGTCACCTCACATGCCACCGTCCCTTATGTCCCCCTCATGCCCTCACGTGTTG  
 TTCCCTCCATACATGCCACTGTCCCCCATGCCCTCCACGGCCCCA  
 CCA CAG ATG CAG AAG GCG CAG GCC CGG CGC AGC GAG GTG GCA GTG GAG ACC TTC CAG GCC ATG GCC ACT  
 P Q M Q K A Q A R A S E V A V F T F Q A M A T  
 GTG CGC AGC TTT GCC AAT GAG GAT GGG GCA GCT GCA CAC TAC CGG CAG CGC CTG CAG CAG AGC CAC CGC  
 V R S F A N E D G A A H Y R Q R L Q S H R  
 CTG GAG AAA AAG GAT GTG GCC CTC TAC ACT GCC TCT CTC TGG ACC AGT GGT GTATGGATGGGGTGGCTCAAT  
 L E K K D V A L Y T A S L W T S G  
 AGCATGGGACGTGATGGATGGGATGGGGCTGGGACATGAGATGAGATGAGATGTCAAGGAGATGGGACAGAATGCCAACGGGCTGGAGATGGCAGGT  
 GAGATGTGGAGACGTGATGTAATGAGATGTCAAGGAGATGGGACATGGGACTGGGACATGGGACATGGGACTGGGACATGGGACATGGGACTGG  
 CATGGGAATATGATGGCATGGGACTGGGACTGGGACATAGATTGATGGCATGGGACATGGGACTGGGACATGGGACTGGGACATGGGACTGGG  
 GGGCAGGAGGATGGCAGTGAATGGGAAATGGGGGGCATGGGGCTCCAGGACACTGGGAAACATGATGGCATGAGGGACATAGCACAGAG  
 CATGGGATGGCATGGGACTGGGAAATGGGGGGCATGGGGCTCCAGGACACTGGGAAACATGATGGCATGAGGGACATAGCACAGAG  
 ATAGGCACGGCTGGGACACTGGGACAGGGGGCATGGGACAGAGGGGACATGGGACAGAGGGGACATGGGACTGGGACTGGGACATGGG  
 GGTGTCCTGGCATGGGACTGGGACATGGGACATGGGACTGGGACAGAGGGGACATGGGACAGAGGGGACATGGGACTGGGACATGGG  
 GGG CAG CTG GTG GCC GCG GGG ACC GTC AGC ACT GGG GAC CTC GTC ACC TTC CTC CTC TAC CAG ATA CAG  
 G Q L V A A G T V S T G D L V T F L L Y Q I I Q

FIGURE 7 - SUITE 1

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

Figure 7

TTC ACT GAT GTC CTG GAG GTGAGCCTGAGAGGATGCCCATATCGCATGTCCCCATGTCAGTCA  
 F T D V L E  
  
 CAGTGCTCCTGTTCCATCCTCCCTGCTGTGTGCTCCAGGCCAATGCCATGTCCTGTGTCCCCACG  
  
 TCTAACCCCTCTGTGACCCCTGCCACATCCCTGTGTACCTCTGTCTTGTCCCTATGCCAATCCACTGTGT  
  
 CCTCTGCGTCCCCATGTCACCATGCCACATGCCCATGCCCTTGGCCCTGGCCACGGTCACTACGCTGCCCCAG GTC CTG CTC GAC TAC  
 V L L D Y

TTC CCC ACA CTG ATG AAG GCT GTG GGC TCT TCG GAA AAA ATC TTT GAG TTC CTG GAC CGG GAG CCA CAG  
 F P T L M K A V G S S E K I F E F L D R E P Q  
  
 GTC TCA CCC TCA GGG ACA ATG GCA CCC GCT GAC CTG CAG GGC CAC CTC CAG CTG GAG GAT GTC TGG TTC  
 V S P S G T M A P A D L Q G H L Q L E D V W F  
  
 TCC TAC CCT GGG CGC CAG GAA ACC CGT CCT CAA GTGGCACAGGACACGCCAGGGACACGGGGTGTGGGACA  
 S Y P G R Q E T R P Q  
  
 GCGTGACAGGGTGTGGAGCACAGTGGGTGATTCAGGACATGGATGTGATGGACAGGGGTGTGAGGATATGAAACAAAGGAGATACTGGAGG  
  
 GGGTGGTATGGGACACTGGAGGGACATGAGATCATGGTATTTGGGGGGGGGACATGGCACATGGTGGTTTGTGGACTGGACAT  
  
 GATGAGTGCACAGAGACATGGTGGGGCATGGGAATGTAGGGCGTGGTA

FIGURE 7 - SUITE 2

GGG GTA TCA CTG GAG CTG CGG CCC GGG GAG GTG CTG GCA CTG CTG GGA CCC CCG GGC GCA GGG AAG AGC  
 G V S L E L R P G E V L A L L G P P G A G K S  
  
 ACT CTG GTG GCC CTC GTG TCC CGC CTG CAC CAG CCC ACG GCC GGG CGC CTG CTG GAT GGC CAC CCC  
 T L V A L V S R L H Q P T A G R L L D G H P  
  
 CTC CCC GCC TAC CAG CAC TCC TAC CTG TGC CGC CAG GTGAGCAGGCCACATGTCCCCATGGCTCCTGGTTGTCCCCCTG  
 L P A Y Q H S Y L C R Q

TGTCTTGATATCAGCAGCCATCCTCATTTGAGTCACCAAGATATCTGGGTCCCAGCCATACCCCTGATGTCTCTGCCATATCA

CCACTGTGCCCCCTGCAAGTGTCCCCGGCCAACTCCCAACCATCCTGTGTCAGATGTCAGATGTCCTGACACAT

CCCCAGCCATCCCCACCGCCTCACTGCCACGTTGCCCATGTTCCCACTGCAAGTGTCCCCACTGCAAGTGTGCCATATCA  
V A V V P QGAG CCC CTG CTT TTT GCC CGC TCA CTC CAC GCC AAC ATT TCC TAT GGG TTT GGG GGC TGC AGC CGG GCA  
E P L L F A R S L H A N I S Y G L G G C S R ACAG GTG ACA GCG GCC CGC CGC CGG GTG GCC CAC GAC TTC ATC ACT CGC CTG CCC CAA GGC TAC GAC  
Q V T A A R R V G A H D F I T R L P Q G Y DACA G GTAAGCTGTCCTCTCTGTTCCGGGTCCCTCCATGGTCCCTCCAGCCTGACCCCGCTCGTCCCCGAG AG GTG GGC  
T E V GGAG TTG GGA CAG CTC TCC GGG GGG CAG CGG CAG CGG GTG GCC ATT GCC CGT GCA CTG CTG CGG GAC  
E L G G Q L S G G Q R Q A V A I A R A L L R DCCC CGC ATC CTC ATA CTC GAC GAG CAC ACC AGC GCC CTG GAC AAT GAG AGC CAG CAG GTGGATGTC  
P R I L I L D E H T S A L D N E S Q Q QCCCCAGCTCCCCGTCCTGTCCTGAGCTCCCTCAAGATGACGCCCTAGATTGAGGAACATCCCCCTGAAACGTTCTCTCCACAG  
CTTATCTCCACTCTGGTGTCCCTGGTCCCTGGCAGTGGCTGAGGAACATCCCCCTGAAACGTTCTCTCCACAG

GTG GAG CAG V E Q

GAG ATC CTC GCA GCC AAA GGG TCG GGG CGT GCA GTG CTG ATG GTG ACG GGG CGG GCA GCC CTG GCG GCG  
E I L A A K G S G R A V L M V T G R A A L A A

28/110

FIGURE 7 - SUITE 3

29/110

Figure 7

FIGURE 7 - SUITE 4

CGG GCA CAA CGA GTG GTG GTG TTG GAG GGG GGA GAG GTG CAG GAG CCC CCC CAC GAG GTG GTG  
P A Q R V V L E G G E V R Q E G P P Q E V V  
CGC CCC GTC AGC CTT NTT GCG GGA CTG GGG ACA ACA AGG GAG CAC CGG GGG AGG GGG ACA GAG GGA TAG  
R P V S L ? A G L G T T R E H R G R G T E G \*  
CGGGAGTTGGATGGGGAGGGGAGGGGGTGGTGGGATGGGGACACTGCGCGTTGGGACACTGAGGGTGGAGGTGGGACAC  
CGGGCCAGCAACAAAGGGACCAACAAGGCTGCCCCATGGATGCCGAGCCGGCGCTGGGTACCGCTGGTACGACACACA  
ACGGCCACAGCATGGACTGCCACTGAGCTGGCAACTGGTGGACACAGGGCCGGGTGGGACACAGAACTGGGAATAAAGCCGGCATGGTTGT

30/110

Figure 8

TAP2G

-213 CGCCCATACATTNTGGCCCTGTCATGACGGTNTAATGGCCGACCTGGCCNTCATGTTGGCCANTTCTTCCAGCAGTGGCCCA  
 TTGGGCTGGGTGGC - 107  
 -106 AGCATGGGGGGGGC  
 0  
 t  
 +1 ATCTTCTGACCCCTACGGGGCTATGTAGGTCTGGCTGGAGCTCCCCGGTGGTGGCTGGCC ATG GCA ACG CCG TC  
 TGG CTG GTG ACC CAC +93 5'UTR  
 W L V L T H  
 +94 GGG ACA GCT GTG GTG GCA TTG CTC ACC TGG AGC CTC CTG GTC CCC ACT GTG GCC ACT GGG  
 GCA AAG GAG GCA AAG GCC TGG +174  
 G T A V V A L L T W S L L V P T V A T G  
 A K E A K A W  
 A  
 +175 GTG CCC CTG AGG CGG CTG CTG GCC CTC GCC TGG CCC GAG TGG CCG TTC CRT CRT GGC TGT GCC  
 TTC CTC TTC CTC GCA TTG GCT +255  
 V P L R R L L A L A W P E W P F L G C A  
 F L F L A L A  
 +256 GCA CTG GGT GAG ACC TCA TTG CCC TAC TGC ACC GGG AGG GCT GTG GAT GTC CTC CGC CAG  
 GGG GAC GGC CTC GCC GCC TTC +336  
 A L G E T S L P Y C T G R A V D V L R Q  
 G D G L A A F  
 T A V G L M C L A S A S S  
 +337 ACC GCT GCT GTC GGC CTC ATG TGC CTG GCC TCT GCC AGC AG  
 GTAGGGACCCACATCCCTCCACAAAACCCATCCACCTCTGGTGGTGTCT +429

31/110

+430	GGTGGGTTGGGGTCTCTGTCATATCTGGGGCATCTGATGGGTCATCTGGGGCACTCCACTGACCCATTGTGATTGTCTGAAAGGGTCTCTG
	GCTCTCCATTGACCC +536
+537	CTGATGGTTGGAGTCGCCCCCCAATTCCCTCCAG C TCG CTG TTT GCC GGC TGC CGC GGT GGC CT
TTC ACC TTC ATC AGG TTC	+624
F T F I R F	
	S L F A G C R G G L
+625	CGC TTC GTC ACC CGC ACC CGC GAC CAG CTC TTC AGC CTG GTG TAC CGG GAC CTC GGC
TTC CAG AAC ACC ACA GCA	+705
R F V L R T R D Q L F S S L V Y R D L A	
F F Q N T T A	
+706	G GTACAGACTGGGGCACTTTGTCCCTGTCCCCACACCATACCCCAAGCTCACCGTACTCAACTCCACAG CT GAG
TTC GCC TCC CGG CTG ACC ACC	+828
L A S R L T T	
	A E
+829	GAT GTG ACG CTG GCG AGC AAC GTG TTG GCA CTC AAT ATC AAC GTC ATG CTG AGG AAC AAC CTG
GGG CAG GTG CTG GGG CTC TGC	+909
D V T L A S N V L A L N I N V M L R N L	
G Q V L G L C	
+910	GCC TTC ATG CTG GGG CTG TCC CCC CGC CTG ACA ATG CTG GCA CTG CTC GAA GTG CCG CCG CRC
GCC GTC ACC GCA CGG AAA GTC	+990
A F M L G L S P R L T M L A L L E V P L	
A V T A R K V	

FIGURE 8 - SUIE 1

FEUILLE DE REMplacement (REGLE 26)

32/110

Figure 8

+991 TAT GAC ACC CGG CAC CAG  
 GTGATAGCAGGGATGGGATGGTAGGGTGGGATGGGCAATGGGATGGGAAACAGTGGAGTGGGAT +1091  
 Y D T R H Q

+1092  
 AGTGGGGGGGGATTGTGGGTCAAGGGGGATGGGGAGCTGCAATGGGATGGGAAACAGTGGGAATGGGAGAGCAGGGATGGGA  
 CATGGTCCAACACA +1198

+1199  
 GCPAGGATGAGGGATGGAGAAGACTGGCAGGAATGGAAATGGGATGGGAGTGGCAGTACTGGCCATCCCATGGGTGCTGACACCCACTGTCC  
 CCCAG ATG CTG +1302

M L

+1303 CAG CGG GCC GTG CTG GAT GCA GCA GCC GAC ACC GGA GCG GCA GTG CAG GAG TCC ATC ATC TCT  
 TCC ATT GAG ATG GTC CGG GTC +1383  
 Q R A V L D A A D T G A A V Q E S I S

S I E T V R V

+1384 TTC AAT GGC GAG GAG GAG CAC CGC TAC AGC CAG GTG CTG GAC AGG ACC CTA CGG  
 CTG CGG GAC CAG CGG GAC ACA +1464  
 F N G E E E E H R Y S Q V L D R T L R  
 L R D Q R D T

+1465 GAG AGG GCC ATT TTT CTC CTC ATC CAG CGG  
 GTGAGGGCTGACACGAGGGACACCCCTGGTGTCTGGGTGGGACATCCCCGCTGAGCCCCAT +1561  
 E R A I F L L I Q R

+1561 CCCCACAG GTG CTG CAG TGT GCT GTG CAG GCA CTG GTG CTA TAC TGT GGG CAC CAG CAG CTC  
 CGC GAA GGG ACC CTC ACT +1641  
 R E G D L T V L Q L A V Q A L V L Y C G H Q Q L

FIGURE 8 - SUITE 2

33/110

+1642 GCC GGC AGC CTC GTC GCC TTC ATC CTC TAC CAG ACT AAA GCT GGC AGC TGC GTG CAG  
 GTGAGGGTCAAGGCAGTGGTCCCTGCCCCACATCCCCGTCACATCCCCATGTCCCTATCCTGGGGTGTGCTG  
 A G S L V A F I L Y Q T K A G S C V Q  
 A L  
 +1730 GATCCCCATGACTGTGGCCACATCCCCGTCACATCCCCATGTCCCTATCCTGGGGTGTGCTGCTGCTG  
 CATGCCAG GCA CTG +1834  
 A L  
 +1835 GCG TAC TCC TAT GGT GAC CTT CTG AGC AAT GCA GTG GCC GCC TGC AAG GTC TTT GAT TAC  
 CTG GAC TGG GAG CGA CCT GTG +1915  
 L D W E R P V  
 A Y S Y G D L L S N A V A A C K V F D Y  
 +1916 GGT GCT GGT GGC ACC TAT GTG CCC ACC AGA CTG CGG GGC CAC ATC ACC TTC CAT CGG GTG  
 TCC TTC GCC TAT CCC ACT CGC +1996  
 S F A Y P T R  
 G A G T Y V P T R L R G H I T F H R V  
 +1997 CCT GAG CGC CTC GTC CTG CAA GAT GTC ACC TTC GAG CTG CGC CCC AGT GAG GTG ACG GCG  
 TTG GCG GGG CTG AAT GGC AGC +2077  
 L A G L N G S  
 P E R L V L Q D V T F G L R P S E V T A  
 +2078 GGG AAG AGC ACC TGC GTG GCA CTG CTG GAG AGA TTC TAT GAA CCT GGG GCC GGG GAA GTG  
 CTG CTG GAC GGG GTG CCG CTG +2158  
 L L D G V P L  
 G K S T C V A L L E R F Y G P G A G E V

FIGURE 8 - SUITE 3

**FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)**

Figure 8

+2159 CGG GAC TAC GAG CAT CGC TAC CTG CAC CGC CAG  
 GTGANGGGGAAATGTTAGCTGCACTGAACANTGCTGGCTGAACCTCTGCCCTGG +2254  
 R D Y E H R Y L H R Q  
  
 +2255 GGGCAG GTG GCA CTG GTG GGG CAG GAA CCC GTG CTC TCT GGC TCC ATT CGG GAT AAC  
 ATT GCC TAC GGG ATG GAG GAC +2335  
 V A L V G Q E P V L F S G S I R D N  
 A Y G M E D  
  
 +2336 TGC GAA GAG GAG ATC ATA GCA GCT GCA AGG GCT GCG GGT GCT GTC TTC ATC TCT  
 GCA CTG GAG CAA GGC TTT GGC +2416  
 C E E E I I A A R A A G A L G F I S  
 A L E Q G F G  
  
 +2417 ACT G GTGAGTGGTGGGAGCAAGGGGGGACCCGGTGTCTGACCCCACTCATCCCCACCTCATCTGCAG AC --  
 GTA GGG GAG AGA GGG GGG CAG +2511  
 T  
 G E R G G Q  
  
 +2512 CTG TCA GCG GGG CAG AAG CAG CGC ATC GCC ATC GCC CGC GCT TTG GTG CGG CGT CCC ACC  
 ATC CTT ATC CTC GAC GAA GCC +2592  
 L S A G Q K Q R I A I A R A L V R R P T  
 I L I L D E A  
  
 +2593 ACC AGT GCT CTG GAT GGG GAC AGC GAT GCA ATG  
 GTCAGCACTGAGCACTGGGGTGGGGCTCTG?CCCTGCACTGCTGATGGGAGCTG +2688  
 T S A L D G D S D A M  
  
 +2689 TGTGTCCCTACAG CTA CAG CAG TGG GTG AGG AAC GGA GGG GAC CGG ACG GTG TTG TTT ATC ACC  
 CAC CAA CCA CGG ATG CTG +2769  
 H Q P R M L L Q Q W V R N G D R T V L F I T

FIGURE 8 - SUITE 4

35/110

+2770 GAG AAG GCA GAC CGC ATT GTG GTG CAG CAT GGC ACG GTG GCT GAG ATG GGG ACA CCC  
 GCC GAG CTG AGG ACC CGC GGC +2850  
 E K A D R I V V L E H G T V A E M G T P  
 A E L R T R G

+2851 GGA CCC TAC AGC CGG CTG TTA CAG CAC TGA  
 GACCATGGAGCCAGCTGGATGGCATGGATGGATATGGGAGCAGTGCCTTGCTTCAAGC +2947  
 G P Y S R L Q H \*

+2948 TGCAGGATGGATGGATTTGGATTGTGTGGATAAAGTGGATGCTTTGT

3'UT

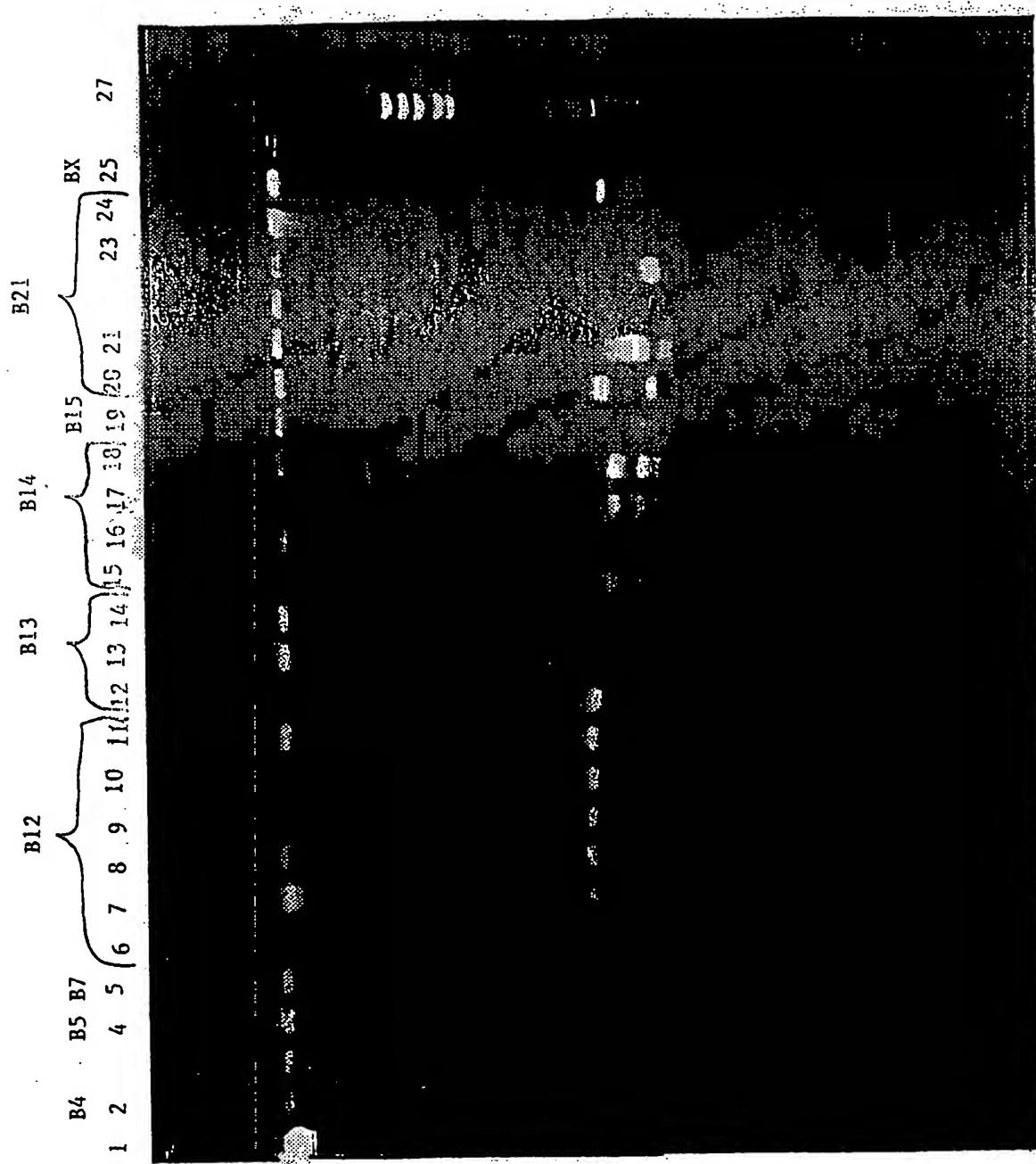
INT RON 2-3 : **E**23(1B+1R)3R  
 INT RON 3-4 : **E**23 2(1)  
 INT RON 4-5 : **E**23 352H CON  
 INT RON 5-6 : **E**23224RS  
 INT RON 6-7 : **E**23(5B+5RB)1R  
 INT RON 8-9 : **E**23277B CON  
 INT RON 9-10: **E**23 43RSR  
 INT RON 10-11: **E**23 43RSR  
 INT RONS 1-2 ET 7-8 INEXISTANTS CHEZ LE POUET

FIGURE 8 - SUITE 5

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

36/110

FIGURE 9



FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

GTCCCTATTCCATTGTGTCTCACATCTGCCATCTCTTCTGTCCCCAT  
 CTATGTTGTGCCCTTACCCATCCCTACCCATCCCCACGTGTCCCC  
 TGCCACCTCCACACGTGTCCCCGTGTCCCCACAGCGGGCGTGGCGCAA  
 TAACACTGTGATGTGGCGCTGCTGCCGGACGGAGCGACGGCGTGTCCC  
 TCCGTGCCACGTGCCAGCAGAGGGGACAGCGGGTGACGACGGCCGGGGC  
 TGCCGAGACGCCTTCTGCAGTGCTGTGAGGTGGCACAGAATCTGC  
 GGAGGGACAGCGCGGGGGTGGCACGGGTGAGTGTGAGCAGTG  
 AAAGCGGGGAGGGGTGACCTGGGGTGGCGGTGGGGTGTGGGGAGTT  
 GTAGAAATGGGGACCCATTGGTGTGGGGAGGTTGGATAAGGGTCCCC  
 ATGGGTGGTGGCACATGGGACATCCCATAGCTGGGATCCCATGGTGG  
 GGCCATCCCCTACCTGGGATCCCCACATGGGAGGATGTCCCCCGCTGT  
 CCATGGCAGTGATGGAGGCACAGCTGGCAGAGCAGCTGTGGATGATGAT  
 GAGGACGTCCCCACGAGGAGCTTCTTCCCTGAGAGCTGGCTGTGGCAGC  
 CATCCATGTTGCTGGCACTGCACGGTGTGTCCCCGTGTGTCCCCATGT  
 CCATGTCCCCATGACTTTGTGTCCCCGTGTCCCCATCTCCCCATCT  
 AGGCTCTCAGTGCTGCCACTACGACTACAGTGGGAGATTAGGC  
 AGTCGCATCGTCCCTGGACATGGTGAGTGTCACTACGACTACG  
 GCAGTGTCCCCCTGACATCCCCCTCGTGGTGTGTCCCCATGT  
 CCCACGTTCTATGGTGTCCCCATGTCCCCCTCTCCCCCTCCCCCGGA  
 ATGTCCCCGTGTCCCCGTGGTGTCCCCACTGCCCCGCAGTGTGAGG  
 CCTGGCAGGGCTGTGCGTGGCGAGCGCAGCGGGTGACGGTGACACAGG  
 ACGTGCGTGTGGCGCTTGGCTGCCCCCAGCATCCGGCCCTAGAGCAG  
 ATGCAGCTGCAGCCCCCTCATCCACAGCAGACTGCCCCGCAGCAT  
 AACAGTAAAGCCCTATAGAGACCCATAGGCACCCAGAGATAAC  
 CCTCTTCCCCCTCA  
 ATAAATACCACTTTGCTTCAATAGATAACCCCTCTGCCCATAGGTACC  
 CCTGTGCTCCATACCTGCCCTGCCACAGCATACATACCCCTTCC  
 ACAGATATGCGTTGCCCATAGATAACCTCTTCTGCCCTATAGATAACC  
 CCTCATGCCACAGATTCCGTTCTTCAATTGGTACCCCTGCC  
 TCATATATCCCCCTCATCCCCACGGATACCCCTTAGACACCCGGTACCA  
 CTTCTGCCCATGGATACCCCTGTGGCACATAGATAACCGCTTCTGCC  
 ACAGATACCCCTTCCACTCCACTGTCCCACAGCCCCACTGCC  
 GCCACCCATAGCCTGGTGGCATCGGGTGACAGTGACGGTGATGCAGGTGA  
 CGGTGACACTGTCGGCAGTGGAGGGGTGTGCGCGCGCTGGATGGGTC  
 CCCCAGATGCTGGAGCTGCCCTGGGGAGGGCAGTGGCTGCACCCCTC  
 TCTGGTGGCCCTCCACCCCTGGGGACATCCCCATCACCATACCG  
 GCCATGGGGCTGGGGACCGTGTACCCGAGTCCTGGTACCTCT  
 AGATCAGTGGGTCCCCCTCCAGTCACCTGGGTACCTCTGGGT  
 AAGCCCTGCGACCTCTGGACATTGTTGCTTGTGAGCCTGGT  
 CTGAATACTGGGCTGTCACTTGAGGGTACATGGACACCATGT  
 TCCATGGTGGCCCTGGACATGTTGGTCTTATGGGATCTGGGACATGGG  
 GTCTGGTGGTCTGGATACTGCAGTGTCTTGTGGACACTATGTC  
 CCCATGTCTTGGTGGGAATGGTGTACCCATTCCCGCAGCCTGAGGGAG  
 AGCTGCACCTGGAGGGAGAGCACCTACATCCTGGACGCAGATGGTGGGT  
 GAGGACTGGGGACACTGGGAAACTGGGACGTGGGCGGGACCC  
 GTGTGGTGTCCCTACAGATAAGCGGAGCGGGAGCCTGAAGCTGCC  
 ACGTCCCTGCAGAGATGTCCTGATGGGACTTCAGCATGAGCATCC  
 GTCACTGGGTGTGTGGGGACATGGGGACATGGGGTGGGT  
 ACTGGGAACGTGGGGGATGTTGGTGGGACATGGGGACATGGGGACA  
 TGGGAGGACATTGTTGGGACATTGATGTCCATCCCTGATCATCT  
 GTCCCTATGTCCCCATACCCATGTGTGGCCATGTC  
 CCTGTGTGTGTCCCCCTGGGTGTCCCCACATGTGCTCACAT  
 TCCCCACATCTCTGTGTACAACCCCGTGTGCCCTGATGT  
 ACACATCCCCATGGGTGTCCCCATGTTCCCATGT  
 ATCCACATCCCCATGCCATGCCCTATGCCCTATGCC  
 TCCTATCCCCATGTCCCCATGTC  
 FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

38/110  
.5 FIN.txt

TATCCCTGTCTTCAACTCCCCCTCCATCCCCACACCATCCCCATGTCTT  
CTGTCCCCACACCATCCCCATATCCCCCTGTCCCCCTGTCCCTGTCCCA  
GGCCGGGTGCCGGGCTGGGCAGTCAGGGCGCTCTGGGGATAGGGGACTC  
TCTGCTCCGCTCCCCCGGGGCTGTGGGGAGCAGTCCCTGATGTCAATGG  
CACCCACTGCTGCTCTGGATGAGAGCGAAGGGTGGGG  
CAGCTCCCCCAGGGCACCGACAGCGCGGCCTCAGAACCTGCAGCAGGG  
TGAGCTATGGGGCAGGTTGTGCTTATGGGGTGGCAATGCTTATGGGG  
TGTGCAGTGCCTCAAGGGATGTGCAGTGCTCATGGGGATGCAGTGGGG  
TTTGATTTGATTTGATTTATGGGTTGCAATTCTCCTCCGAGGATTGCAT  
CTCTCTATGGTGTGCAATGGGATGTGCAGTGCTCCAGGTGGAGGTGCA  
GAGCCCTATGGGGTGCAGTGCTGTAGGGGATGTCTGTTGTCCCCA  
ATGGTCTCTGATGTCCCCACAGGCTCGAACGGTGCAGAGCTTCCGCAA  
AAAGTGACGGCTCTATGGGCATGGCTGCACCGGGACAGCAGCACCTGGT  
GAGGGGAGGGGATGATGTGGGACATGGGATAGTGAGGGGATGTGGG  
GATGCTGGGTATGGGATGTGAGGACATCATAGGGACATGAGCGGTGGG  
GCCATGTGGATTGGGACGTGGTGACACGGTGCCTGGTGCAGGCTGAC  
GGCACTGGTGCTGCGTGTGCTGGCCCTGTCCCGCCCTATTGCCAGTGG  
CTGCAAGCGGCCCTCGCTGCCCTGCGGTGGTGCAGCAGCGC  
CCAGATGGCGCCTCTGGAGCACAGGGCTGTGGTGCACCGTGAGATGCA  
GGTGGGTGACACATCACTGCTGTGCAATGTCCCCATGCAGGATCTCC  
CCTGCAATGTCCCCCTGAAGGGTCCCTGCAGGCTGACCCACATTACACTGT  
GTCACTCACGTGTCCCCGTGTCCCCCAGGGTGGTGTGGCAGAECCCGGCC  
GGAGGCCACCCTGTGCGCTGACGGCCTCGTGGTGGTGGCCCTCCATGGT  
CCCGCGCTCTGCTGCCCGGACAGCCCTGAGCTGCCCTCTGGTGGT  
CCCATGTCCCCCTGTGTCTGGTCCATATCCATGTGTCCCTGT  
GCCCATCCCCAAATCCCCACATCCCCATATGTTCCATACCCCTGCTG  
TGTCCCCCAGTGTCCCCCGTCTTCATTCTCACTATCCCCGTATT  
CCATATGTCCCCCTGTCCACCAAGTGTCCCCCTCATCCCTCTGTGTCCCC  
GTCCCCCAGTGTCCCCCACGTCCCTGTATGTCCCCATGTCTCCTAGTGT  
CCCCATGTCCGTGTCCCTCAGTATCCCCCATGCCCTCCCCGTGTCTTTCA  
TGCCCCCACACTCCACGTCCCCACACTCCATGTCCCAGTGCACAGGACAA  
ATCCCTGTCCCCGGGCTCCACGTTCTCCGGGGCGCGTGGAGCAGTTGG  
GGACCTATGGGACAGCCATTACATCCTATGCATTGGCACTGGTGGACACC  
GCTCCTCCCCGGCGCATCCGGCGGTGGAACGCTGCGGGGATGGCCCG  
GAGCGCCACGGTGCCTGTCTGTCCCCATGGGGTGGTGGCACCTCT  
GTCCCCCATGGCTGCCCTCTGGACCCCTGTCCCCCTCTCAGATTCACT  
CTCATTCAATCCTCAATTATTCTCCCTCAAACCTTCTTCTTGT  
TTCTTCACATTCAATTCTCTGATGCTCTCCCTGTCTGTCTTC  
TTCAAATTCTCTCAATTGTCTCTGATTAATTCTCTAAATTAA  
CTCTCGATCAAGTTCTGAGATTCTCAGACTCTCTCAATTCTGTTCTGTAATT  
AAACTGTTCTCAGAGTGTATTCTCAACTCTCTCATGTTCTCTCAAGTCCA  
TTCCCTGCACTGACTCCGGGTGCTCAGGACCCCCCGTGAACCCCATATGA  
CCCCATATGAACCCCCCATGACCTCCACAAAACCATATGACCCCGTGA  
TCCCATGACCCCTCATGACCCCATATGACCCCCCATGACCCCATCCCTGT  
GCAGGTGGCCGTGCAACCTTCTGGCATCCGGTGGCCCGAGCCACGGT  
GGAGGCAGGGTACGCCCTCTGGCACTGCTGCAGAGCCCGAGCATCG  
CCGGGGCTGCGAGGGCGGACGGTGGCTCCGACAGCAGAGCAATTACGGG  
GGTGGCTTCACTCCACGCGAGGTGGGTGGGGTCACTGACCCCCCGGGT  
CCTCGGGGTGGGGTGTGATTTGATCCCCAGGTACCTCTTGGTGGCTGTGT  
CCCCAACCTGCTTGGTGTCCCGCAGGACACGCTGGTGGCCCTGGAGGCG  
CTGGCCCAGATGTGGCTGCACGGGGCGTGGGAACACAATGGGGCTGAA  
CCTGGGGCTCTCCTGGCGGGGGTGCCTGGGGAGGGCTGGTGGCACTC  
AGTTATGCTGAAGCCGGGCTGGAGCCGCTGGAGGAGCTGCAGGTG  
GGGACATGGCGGGATGTGGGGACACGAGGGATGAGGAGACACTGGGGACA

FIGURE 10

SUITE 1

TGTCTGGACTTGGTAGGATGTAACATGAAGACACTGGGGACATGGTAGGA  
 CATGGGGGACATGAGAACACGGGATGTGGGGACATGGTAGGACATGATG  
 GACACAGGGCTTGGGTCTTGGGTCTCGCTCTGTCCCCATGTCCCCA  
 GGTGCCTCTGGCAGCCCAGTGACAGTGCAGGTGGAGGGACACGGCGAAG  
 GGACGCTGACGGTGGGTGCATGGACATTGGTGTATCTCCAAGACC  
 GATGTCCCCCTCACACCTCCCTCATGGTGTCCCCCATGCTGCCACGGT  
 GTCCCCCTGCTGTCCCCTCATGGTGTACGCTGTCCCCAGGTGCTCCGCCA  
 GTTCCGCCGTGTACCTCCGAACGCCACGTGCCAGGCCGTGACCTGG  
 AGGTGGCATCACCGGCCCATCCTGTACCATGGTGAGGCCAACCCAAA  
 GGCCCCGCCCTTTCTCGGGGGCGTGCCTCAACCTGTTTGC  
 ATATCCAACCCCCAGCAGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGA  
 GGAGGCGGAGCCTAAGGAGGGGAGGAGCCTACGGAAGGGCAGTGCCCG  
 TGGAGGGCGGGCCAGCAGATGACCCGCCCTCAGCCCCGTGTC  
 TTATGGGATGCCGTAAGCGGCAACGCCGCAGCACACATAACCTGCCA  
 CGAGGTGGCCTCTGGCTGCTTCCGGTGAGGGCGGAACCTCTGTCC  
 CTGGGGCGGGTCTCTGTGATGGCGTGCTTATTGCTGAGGGCGT  
 GGCCTGTTGAGGCCAGGGGTGGCACTGACTGGATGGCGGTGG  
 TGGAGATCACTCTGCTCAGTGGCTCTCACCCATAGAGCTGACCTGGAC  
 AAGGTAGGGGCCAGGGGACTTGTGGACATGTTGGGGTTGAGGGGA  
 GTTATGGGTGTGGGTTGGGGTGTGGAGTTGTTGAGGTGGCAGAAT  
 GTTGGGTTGGAGTCATGGGATATGGGCTATTGGGTTGAGGGTGTG  
 TGATGTTGGAAACATTGAATTGGGTTGTTGAGTTGAGGTGTTGGGG  
 TGTGCGGGTGCAGAGCTGCAGCTGCTGGGTGGAGTATTAAAGGTGTTGG  
 ATGTTGGGTGTTGGATGGCTTGGATGCGGGTGTGGGGTGGCACGTAT  
 CTGGGTGCTGCTGCCCACAAACAGCTGCCAGTGGTGGATCACTGGAT  
 CAGTCACTATGAGTTGAGGAAACCAAGTTGGTGTATACCTGGATGAGG  
 TGTGCTCTCCCGTGTACCCATAAACCCAGTGGCCCCATGTTCTCATAT  
 CCCCCATGTCCCCGTGTCCCCACACCATATCCATTCTCCCCACACATCC  
 CCGTGTCCACCACTGTCTCATTTCTGTCCCCAGGTCCCC  
 CGAGCGGAGTGTCTCAGTTGGGCCACCCAGGACGCCGTGGTC  
 ACATGCAGCCGGCAATGGCAGCCATCTGACTACTATGAGCCTGGTGG  
 TGGGGCCTTCAGTGGAGGGCTAAATGGGTGGTGGTCTCATGGGT  
 GACCATTGGAGGAGGCGTGGCGATCTGACCCCTCATGCCCATCCAGG  
 ACAGCGCTGCACCGTCTTCTACAACGCCCAAAAGGAGCAGCACCATCG  
 CCACACTGTGCTCCCCAAATCTGTAATGCGCCAAGTAGGACCCCA  
 CTGTGACTCCATATGTAGGGCCCCATCCAGTGAACCCCAATCCTCCT  
 CCTAATTGGAGATCTGGGGTGAATTATGGGTTATAGGGAGCG  
 TGGTTGAGTGCACATGCAGGACATGGAGGGACCCACACCAAGAACCTGT  
 GTTTGGGCTCTGATGATGTTGGAGATCCTATTGATGTTGGTGGTCCC  
 CAGGGGGGTGTCCCCAAAGCCAAAGGAGGACACAGGAGGTGACAGCTGAT  
 GACCGCCATGACTTGCCTGCTACAGCCCCCGCGTGGACTATGGTGGAGAT  
 CCCAAATCACTGCACCTCAAACCTGACCCCAAAATTGGCTGCATCCGAAC  
 CCCAACTGCCCTAAATCCCCTGCTGCCCTGAGTCCCACAGCTGCACA  
 CTGTACCCACAAAGTGGCCCCGTGAAGCCTAAAACATTCACTGAGGAGTTT  
 GTAGTTTCTCCCTGTACCCAGTTGTCCTCTGACCCCAAGAACCCAC  
 AGCTGCCCTATGCTGCTCCCTGCCGCTAACTCCTCTGATACAATAAC  
 CCCCGTGAACCCCATTTATGACCTCCATGACCTTGTACCCCAAGCAGT  
 GTGGTTGGGTGCTGTCCCAGAGTGAGATAGGGCTTTGTGGCTTGA  
 GACGGAAATCAAGGAGGTGCTGCTGAGGTGAGACTGAGGGTAGTGGGA  
 CGGACTGGAAGGTGAGAATGGGAGCAGTGGAGGGAGGAGGGAGTACTGAG  
 AGGGACTGGAATGACTGGAAATTGAGACTGGGTGGACTGGGAACACTCTGG  
 TAGAGACTGAATGGGTATACTGGGAAACTGGAAGAAGTTGTGGATGAG  
 AAGAGGATGCTGGGATAGGAGACCCCCCTTGTGCTAGGGGGTCTCT  
 CAGCCATACTGGCACAATATGAGAGTAACTGGGTGGTACTGGGAAGCT  
 GGGAGGACTCATACTGGTCTGACTGCCACGGCAAGCACACCACTGC

**FEUILLE DE REMplacement (REGLE 26)**

FIGURE 10

SUITE 2

40/110

A5FIN.txt

CCCCTGGGAGCGAGGCGGCTGCTGGTGCAGAGAGCTGCCACTGCGC  
 CTGCAACTCCACACATCTACCTGGTGTGGGGGGCAGCGGGAGGACGCG  
 GGACCTGAGGGCGGTGAGAAGGGCTGTGCCCATGTCCACATGTCCC  
 TGTGTTCTCATGTCCCAGTGTCCATATCCCAGTGTCTAACCCATAT  
 CCTTGACCTTGAGGCCATACCCGTATATCCCTGACCTGTCCCCATTCTC  
 AGCCCCCAGTTCTGCTGGGCCCCACTCATGGTGGAGGAGGTGCCATC  
 CCCTGGACGCTGTAAGGCCACAAGGTTGCCGGGTTACTGCCAACTGC  
 AGGAGTCCGCACCCGCTGAGCCAACGGCTGCCAGCTGTGAGCCCCT  
 GGGAGCCACTGGGAGCATGTTGGGTGCAGCTGGGACCATTCTGGGGTGA  
 ACTGGTACCACTGTTGGATCAGTTGGATCAATTGGGAATAAAACTAGTGT  
 TGACTGGGACCGTGTGACCAACTGGAAGTGTGTTGGAAGAAACTGAG  
 AGCTGCTGGGTTGAGTGGGAGCAACTGGAACTGTGTTGGAACAAACAGG  
 GGACCAACTGGGATCACACTGTGGTCAGCTGGGATCACACTGGTCAAAA  
 AAGATCACAGTGGCCAATTGGGTCAACTGGGTTGAGCTGGGATCAGA  
 ACGAGTTAATAAACGTACAGTCGTCGAGCCACACAGAGTCAGCCCTC  
 CAGCGCGCAGAGCGCGCAGCGCAGCTGGCTGCCCGCGTAAGCGGAT  
 GTGACGTCACTTCGCGCGCTATTGAACTCCAGCAGCGCCCCCGGGA  
 GCGCCCCAATGCCCGGGCCAAACCGCGCAGCCCCCGGCCGGCGCG  
 CCCCCCCCAGCCGCCCCCGCCACCCCCCGCGCGCTCGGGTGGAGC  
 CAGCCCCGTAGGGAGTGCAGGAGTGTGGGGCGGGGGGGGGCGTCTGGAGC  
 GGAGCCTTATCACCCTGTTTCCCATTTCGGCTCTTCCGCCCCGT  
 TTCAGCCCGCCGGTACCGGGCCGGTCAAGAGGGCGCTGCAGGAGATCCGCC  
 GCTATCAGAGCAGCACCGCTCTGCTGCGCCAGCCTTCGCGCG  
 GTGGTAACGGGACTGCCCGGAACGGGACACCCCCCAACCCCCAACGG  
 GACCATCCCCACGGATGGATCCCCCCCCACACACATCCAACGTGGAC  
 CCCCCGCCCCAAATGAGATCTAACAGTGGAGATCTGGGGCCTCAAATG  
 AGACACTCTCCCCCTCCCCAACGGAACACCCCCGAAAATGGGACACAC  
 ATAAAAGTGGGACTCCCCCTCTCCCCCGCCCCGTCAAATGGAACAC  
 CCCCCACTGGACCTTCAAAAATAACATTCCCCCTCCCCCAAAATGGG  
 ACTTACCAACAAAGTGGGATCTCCCCCAAAATGAACACCCCCCTCAAATG  
 AGACCCCTCGGACCCCCCAACCCCTCTGCAACCATCNGCCGTGCA  
 CGGAAGGGAAAGGGCTGTAGGGTACATCTACCCCTATTCTGGTTGTG  
 TTTGTTTGTGTTATTAGAAGCAGGAAACAGACAACAAAGCCCAGCC  
 AATGCCATTCTCTGGCAGTGGACGCAGCGCAGGGGGTTGGTCACAAAG  
 CAAGAAGTTGCTGCCGGACTTTGCTGTTGGGGCGTTCTCGTGAACCT  
 CTGAGCCATGGATGAGGAATTACTATGCTGATTAAAGGCATCCTACGG  
 GCAGTTGCCTCTGCTAACGGCAGCGCGGTAAAGGGATGCTCTGTG  
 TGGGTGCTCACCGCAGGCTGGTTGGGGCTTGTCTCTGAGAAC  
 ACCAGCAATGCTGGTTGGGTTCTGGGTCACCCGGCTTGTATGGGGAG  
 TAAAGGAAGGGTGGGGAGAAGGAAGCCTGGGAATGGCCAGAGGTGTGG  
 TGGTTT

FIGURE 10

SUITE 3

GTCCCTATTCCCATTGTGTCTCACATCTGCCATCTCTTCTGTCCCCAT  
 CTATGCTTGTGCCCTCATCCCTAACCCATCCCCACGTGTCTCTGTGG  
 TGCCACCTCCACACGTGTCCCCGTGTCCCCACAGCGGGGCCGTGGCGCAA  
 TAACACTGTGATGTGGCGCTGCTGCCGGGACGGAGCGACGGCGCTGCCCA  
 TCCGTGCCACGTGCCAGCAGAGGGGACAGCGGGTACAGACGGCCGGGG  
 TGCCGAGACGCCCTCTGCCAGTGTGAGGTGGCACAGAAATCTGCCGCG  
 GAAGGGACAGCGCGGGGGTTGGCACGGGTGAGTGTCAAGCAGTGTCCCC  
 AAAGCGGGGAGGGGTGACCTGGGTGGCGGTGGGGTGTGGGGAGTT  
 GTAGAAATGGGGACCCATTGGTGTGGGGAGGTTGGATAAGGGGTCCCC  
 ATGGGTGGTGGCACATGGGACATCCCATAGCCTGGGATCCCATGGTTGG  
 GCCATCCCGTACCTGGGATCCCCACATGGGAGGATGTCCCCCGCTGTCC  
 CCATGGCAGTGTGGAGGACAGCTGGCAGAGCAGCTGTGGATGATGAT  
 GAGGACGTCCCCACGAGGAGCTTCTCCCTGAGAGCTGGCTGTGGCGACG  
 CATCCATGTTGCTGGCACTGCACGGTGTGTCCCCGTGTCCCCATGTCC  
 CCATGTCCCCATGACTTGTGTCCCCGTGTCCCCATCTCCCCATCTCCCC  
 AGGCTCTAGTGTGCTCCCTGACTCCATCACTACGTGGGAGATTAGGC  
 AGTCGCATGTCCTGGACATGGTGGAGTGTCACCCCCTCCAATGGCCCT  
 GCAGTGTCCCCCTGACATCCCCCTCGTGGTGTCCCCATGTCCCCACGTC  
 CCCAAGTCCATGGTGTCCCCATGTCCCCCTCTCCCCCTCCCCCGGA  
 ATGTCCCTGTGTCCCCGTGGTGTCCCTGCACTGCCCGCAGTGTGAGGT  
 CCTGGCAGGGCTGTGCGTGGCGGAGCCGAGCGGGTACGGTGACACAGG  
 ACGTGCCTGTGGCGCTTGGCTGCCACAGCATCCGGCCCTAGAGCAG  
 ATGCAGCTGCAGCCCTCATCCACAGCAGACTGCCCGCAGCATAACGT  
 AAGCCCTATAGAGACCCATAGGCACCCAGAGATAACCTCTTCCTCTA  
 ATAAATACCACTTGCTTCCAATAGATAACCCCTCTGCCCATAGGTACC  
 CCTGTGCTCCATACTTGCCCTGCCACAGCATACATACCCCTTCCCTCCA  
 ACAGATATGCGTTGCCCATAGATAACCTTCTTCTGCCCTATAGATAACC  
 CCTCATGCCACAGATTCCCCTTCAATTGGTACCCCTGCC  
 TCATATATCCCCCTTACCCACGGATAACCCCTTAGACACCCGGTACCA  
 CTTCTGCCCATGGATAACCCCTGTGGCACATAGATAACCGCTTCTGCC  
 ACAGATAACCCCTTCCACTCCACTGTCCCACAGCCCCACTGCCCATG  
 GCCACCCATAGCCTGGTGGCATGGGTGACAGTACGGTGATGCAGGTGA  
 CGGTGACACTGTGCGCAGTGGAGGGGGTGTGCGCGGCCGTGGATGGGT  
 CCCCAGATGCTGGAGCTGCCACAGGGCAGTGGCTGCACCCCTCAC  
 TCTGGTGGCCCTCCACCCCTGGGACATCCCCATCACCACCGCCCGCG  
 GGCCATGGGGCTGGGGACCGTGTACCCGAGTCCTGCATGTCAGGTG  
 AGATCAGTGGGTCCCCCTCCAGTCACCTGGTCACCTCTGGGTCCCTTA  
 AAGCCCTGCGACCTCCTGGACATTGGTGTCTGTGAGCCTGCGGTGACC  
 CTGAATACTGGGGCTGTCACTTGAGGTTCATGGACACCATGTCCCTGTG  
 TCCATGGTGGCCCTGGACATGTTGGCTTATGGGATCTGGGACATGGG  
 GTCTGGTGGCTGGATACTGCAGTGTCTTGTGGACACTATGTC  
 CCCATGTCCTGGGGAAATGGTGTCACTCCATCCCCGAGCCTGAGGGAG  
 AGCTGCACCTGGAGGGAGACCTACATCCTGGACAGCAGATGGTGGGT  
 GAGGACTGGGGACACTGGGAAACTGGGAGCTGGGGCGACCCCTGTG  
 GTGTGGTGTCCCTACAGATAAGCGGAGCGGAGCCTGAAGCTGCCGGGG  
 ACGTCCCTGCAGAGATGTCCTGTGGGGACTTCAGCATGAGCATCCGT  
 GTCACTGGTGTGTGGGGATGGGACATGGGTGGGGACATGGGGGGGG  
 ACTGGGAAACGTGGTGGGATGTGGTGGGACATGGGACATGGGACA  
 TGGGAGGACATTGGTGGGACATTGATGTCATCCATCCCTGATCATCTCT  
 GTCCCTATGTCCTCATACCCATGTGTGTCATGTCACATCCTTATTACA  
 CCTGTGTGTGTCCCTGGGTGTCCCCACATGTGCTCACATCCTTATTACA  
 TCCCCACATCTCCTGTGTACAACCCCGTGTGCCCTGATGTGTGCC  
 ACACATCCCCATGGGTGTCCAATGTCCCATGTCCCTGTGTCATCCCC  
 ATCCACATCCCCATGCTATCCCCATCCCCACGTTCCCCCATTTCCA  
 TCCTATCCCCATGTCCTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTC

FIGURE 10

SUITE 4

TATCCCTGCTCTCAACTCCCCCTCCCATCCCCACACCATCCCCATGTCTT  
 CTGTCCCCACACCATCCCCATATCCCCCTGTCCCCCTGTCCCCGTCCCC  
 .GGCCGGGTGCCGGCTGGCACTGCAGGGCGCTCTGGGATACGGGACTC  
 TCTGCTCCGCTCCCCCGGGCTGTGGGAGCAGTCCTGATGTCAATGG  
 CACCCACTGCTGCTGCTCGCCTCTGGATGAGAGCGAAGGGTGGGG  
 CAGCTGCCCGAGGGCACCGACAGCGCGCTCAGAACCCCTGCAGCAGGG  
 TGAGCTATGGGGCAGGTGTGCTTATGGGGTGGGCAATGCTTATGGGG  
 TGTGCAGTGCTCCAAGGGATGTGCAGTGCTCATGGGGATGCAGTG  
 TTTGATTTGATTATGGGTTGCAATTCTCCTCCGAGGATTGCAT  
 CTCTCTATGGTGTGCAATGGGATGTGCAGTGCTCAGGTGGAGGTGCA  
 GAGCCCTATGGGGGTGCACTGCTGTAGGGGATGTCGTGGTGTCCCCA  
 ATGGTCTCTGATGTCCCCACAGGGCTCGAACGGGTGCAGAGCTCCGCAA  
 AAGTGACGGCTCTATGGGCATGGCTGCACCGGGACAGCAGCACCTGGT  
 GAGGGGAGCGGGGATGATGTGGGACATGGGATAGTGAGGGATGTGGG  
 GATGCTGGGTATGGGATGTGAGGACATCATAGGGACATGAGCGGTGGG  
 GCCATGTGGATTGGGACGTGGTGCACACGGTGTCTGGTGCAGGCTGAC  
 GGCACTGGTGTGCGTGTGCTGGCCCTGTCCCCGGCCATTGGCAGTGG  
 CTGCCAGCGGCCCGCTGCGTCCCTGCCTGGGGTGTGGCAGCAGCGC  
 CCAGATGGCGCCTTCTGGAGCACAGGGCTGTGGTGCACCGTGAGATGCA  
 GGTGGGTGACACATCACTGCTGTGCAATGTCCCCATGCAGGATCTCCC  
 CCTGCAATGTCCCCCTGAAGGTCCCTGCAGGCTGACCCACATTACACTGT  
 GTCACTCACGTGTCCCCGTGTCCCCCAGGGTGGTGTGGCAGACCCCGGGCC  
 GGAGGCCACCGTGTGCTGACGGCCTTCGTGGTGGGGCCCTCATGGTG  
 CCCCGCTCTGCTGCCCGGACAGCCCTGAGCTGCCCTCTGGTGA  
 CCCATGTCCCCACCCCTGTGTCTGGTCTCATATCCATGTGTCCCC  
 GCCCCATCCCCAAATCCCCACATCCCCCATATGTTCCATACCTGCTG  
 TGTCCCCCAGTGTCTTCCACTATCCACTATCCCCGTATT  
 CCATATGTCCCCCTGTCCACCAGTGTCCCCCATCCCTGTGTCCCC  
 GTCCCCCAGTGTCCCCCACGTCCCCATGTCCCCATGTCTCTAGTGT  
 CCCCACATGTCTTCCAGTATCCCCCATGCTCTTCCAGTCTCTTCA  
 TGCCCCACACTCCACGTCCCCACACTCCATGTCCCCTGCCACAGGACAA  
 ATCCCTGTCCCCGGCTCCACGTTCTCCGGGGCGCGTGGAGCAGTTGG  
 GGACCTATGGGACAGCATTACATCCTATGCATTGGCACTGGTGGACACC  
 GCTCTCCGGGGCGCATCCGGCGTGGAACGTCTGCCGGGATGGCCCG  
 GAGGCCACGGTGCCTGTCTGTCTCTGGGGTGGTGGCACCTCT  
 GTCCCCATGGCTGCCCTGGACCCCTGTCCCCCTCTCAGATTCACT  
 CTCATTGAACTCTCAATTATTCTCCCTCAAACCTCTTCTTGT  
 TTCTTCACTTCAATTCTCAATTGCTCTCTCTGTCTGTTCTTC  
 TTCAAAATTCTTCTCAATTGTTCTCTGATTAATTCTCTTAAATTAA  
 CTCTCGATCAAGTTCTGCAGATTGTTCCACTCGGGATGGATTCTCTCC  
 AAACGTGTTCTCAGATTCACTCTCTCAATTCTGTTCTGTAAATT  
 CTTCTCAGAGTGATTCTCAAACTCTTCTCATGTTCTCTCAAGTCCA  
 TTCCCTGCACTGACTCCGGGTGCTCAGGACCCCCCGTGA  
 CCCCACATGAACCCCCCATGACCTCCACAAAACCATATGACCCCGTGA  
 TCCCATGACCCCTCATGACCCCATATGACCCCATGACCCCATCCCTGT  
 GCAGGTGGCGTGCACCTCTGGCATCCGGTGGCCCGCAGCCACGGT  
 GGAGGGCGACGGGTACGCCCTCTGGCACTGCTGCAGAGCGCGACATCG  
 CGGGGGCTGCGAGGGCGGGCACGGTGGCTCCGACAGCAGAGCAATTACGGG  
 GGTGGCTTCACTCCACGCAGGTGGTGGGGTCACTGACCCCCCGGGT  
 CCTCGGGGTGGGGTGAATTGATCTTCCAGGTACCTCTTGGTGGCTGT  
 CCCCAACCTGCTTGGTGTCTCCGCAGGACACGCTGGTGGCCCTGGAGGCG  
 CTGGCCCAGATGTGGCTGCAGTGGGGCGTGGGAAACACAATGGGGCTGAA  
 CCTGGGGCTCTCTGGCCGGGGTGGCCCGGGGAGGGCTGGTGGCA  
 AGTTATGCTGAAGCCGGGCTGGAGCCGCTGGAGCAGGAGCTGCAGGTG  
 GGGACATGGCGGGATGCTGGGACACCGAGGGATGTGAGGACACTGGGACA

**FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)**

FIGURE 10

SUITE 5

TGTCTGGACTTGGTAGGATGTAACATGAAGACACTGGGGACATGGTAGGA  
 CATGGGGGACATGAGAACACGGGATGTGGGGACATGGTAGGACATGATG  
 GACACAGGGCTTGGGTCTTGGGTCTCGCTCTGTCCCCATGTCCCCA  
 GGTGCCTCTGGCAGCCCAGTGACAGTGAGGTGGAGGGACACGGCGAAG  
 GGACGCTGACGGTGGGTGGCTGCATGGACATTGGTGTCACTCTCAAAGACC  
 GATGTCCCCCTCACAAACCTCCCCATGGTGTCCCCATGCTGCCACGGT  
 GTCCCCCTGCTGTCCCATCATGGTGTACGCTGTCCCCAGGTGCTCCGCCA  
 GTTCCGCCGTGTACCTCGAACGCCACGTGCCAGGGCGTGCACCTGG  
 AGGTGGCCATCACCGGCCCCATCCTGTACCATGGTGAGGGCCCCACCCAAA  
 GGCCCCGCCCCCTTTCTCGGGGGGGCGTGCCTCAACCCCTGTTTGC  
 ATATCCAACCCAGCAGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGA  
 GGAGGCGGAGCCTAAGGAGGGGAGGGAGCCTACGGAAGGGCAGTGCCCG  
 TGGAAAGGGGGGGGGCCAGCAGATGACCCCGCCCCCTCAGCCCCGTGTCC  
 TTATGGGATGCCCGTAAGCGGCAACGCCGCAGCACACATAACCCCTGCCA  
 CGAGGTGGCCTTCTGGTCTGCTTCCGGTGAGGGGCGGAACCTTCTGTCC  
 CTGGGGGCCGGTCTTCTGTGATGGCGTGGCTTATTGCTGAGGGGCGT  
 GGCTGTGTAGGGCGGAGCCAGGGGTGGCACTGACTGGGATGGGGTGG  
 TGGAGATCACTGTGTCAGTGGCTCTCACCCATAGAGCTGACCTGGAC  
 AAGGTAGGGGCCAGGGGACTTGTGGGACATGTTGGGGGTTGAGGGGA  
 GTTATGGGGTGTGGGTTGGGGTGTGGAGGTGTTGAGGTGGCAGAAT  
 GTTGGGGTGGAGTCATGGGATATGGGCTATTGGGTTGAGGGTGTG  
 TGATGTTGGAAACATTGAATTGGGTTGTTGAGTTGAGGGTGTGGGG  
 TGTGCGGGTGCAGAGCTGCAGCTGCTGGTGGAGTATTAGGTGTTGGG  
 ATGTTGGGGTGTGGATGGCTGGATGCGGGTGTTGGGGTGGCACGTAT  
 CTGGGTGCTGCTGCCCACACAGCTGCGGACGTGGTGGATCACTGGAT  
 CAGTCACATGAGTTGAAAGGAAACCAGTTGGTGTACCTGGATGAGG  
 TGTGTCCTCCGTGTACCCCTATAACCCAGTGGCCCATGTTCTCATAT  
 CCCCCATGTCCCCGTGTCCCCACACCATACTCCATTCTCCCCACACATCC  
 CCGTGTCCACCACTGTCTCATTTCTGCTCCCTGTCCCCCAGGTCCCC  
 CGAGCGGCACTGCTCAGTTGGGGCCACCCAGGACGCGGCTGTGGGT  
 ACATGCAGCCGGCAATGGCAGCCATCTGACTACTATGAGCCTGGTGG  
 TGGGGCCTTCAGTGGAGGGCCTAAATGGGTGGTCTCATGGGT  
 GACCATTGGAGGAGGGCGTGGCGATCTGACCCCTCATGCCCATCCAGG  
 ACAGCGCTGCACCGTCTTCTACAACGCCAAAAAGGAGCAGCACCATCG  
 CCACACTGTGCTCCCCAAATCTGTAATGCGCCAAGGTAGGACCCCA  
 CTGTGACTCCATATGTAGGGCCCCATCCAGTGAACCCCCACATCCTCCT  
 CTAATTGGAGATCTGGGGTGAATTATGGGTTATAGGGAGCG  
 TGGTTGAGTGCACATGCAGGACATGGAGGGAACCCACACCAAGAACCTTGT  
 GTTTGGGTCCCTGATGATGTTGGGAGATCCTATTGATGTTGGTGGTCCC  
 CAGGGGGGTGTCCCCAAGCCAAAGGAGGACACAGGAGGTGACAGCTGAT  
 GACGCCATGACTTGCCTGCTACAGCCCCCGCTGGACTATGGTGAGAT  
 CCCAAATCACTGCACCTCAAACCTGACCCAAATTGGCTGCATCCGAAC  
 CCCAACTGCCCTAAATCCCACCTGCTGCCCTGAGTCCCACAGCTGCACA  
 CTGTACCCACAAGTGGCCCTGAAGCCTAAAACATTACGAGGATT  
 GTAGTTTCTCCCTGTACCCAGTTGTCCTCTGACCCCAAGAACCCAC  
 AGCTGCCCTATGCTGCTCCCTGCCGCCATAACTCCTCTGATACAATAAC  
 CCCCGTGAACCCATCTTATGACCTCCATGACCTTGGACCCCAAGCACTG  
 GTGGTTGGGTGCTGTCCCAGAGTGAGATAGGGCTTTGTGGCGTTGA  
 GACGGAAATCAAGGAGGTGCTGCTGAAGGTGAGACTGAGGGTAGTGGGA  
 CGGACTGGAAGGTGAGAATGGGAGCAGTGGAGAGGCAGGGAGTACTGAG  
 AGGGACTGGAATGACTGGAATTGAGACTGGGTGGACTGGAAACTCTGG  
 TAGAGACTGAATGGGTATACTGGAACACTGGAAGAAGTTGTGGGATGAG  
 AAGAGGATGCTGGGATAGGAGACCCCCCTTGTGCTAGGGGGTCTCT  
 CAGCCATACTGGCACAATATGAGAGTATACTGGGTGGTACTGGGAAAGCT  
 GGGAGGACTCATCTGGT**SEQUENCE DE REEMPLACEMENT (REGLE 26)**

FIGURE 10

SUITE 6

44/110

A5FINB.txt

CCCCTGGGGAGCGGGAGGGCGCTGCTGGTGCAGAGAGCTGCCACTGCGC  
 CTGCAACTCCACAAACATCTACCTGGTGTGGGGGGCAGCGGGAGGACGCG  
 GGACCCCTGAGGGGCGGTGAGAAGGGGCTGTGCCCATGTCCACATGTCCC  
 TGTGTTCTCATGTTCCCATGTCCCATATCCCAGTGTCTAAACCCATAT  
 CCTTGACCTTGAGCCATACCCCTGATATCCCTGACCCCTGTCCCCATTCTC  
 AGCCCCCAGTCCCTGCTGGGCCCCACTCATGGTTGGAGGAGGTGCCATC  
 CCCTGGACGCTGTAAGGCCACAAGGTTGGGGGTTACTGCGCCCAACTGC  
 AGGAGTTCCGACCCGCTGAGCCAACCTGGGCTGCCAGCTGTGAGCCCC  
 GGGAGCCACTGGGAGCATGTTGGGTGCAGCTGGGACCATCTGGGGGTGA  
 ACTGGTACCAACTGTTGGATCAGTGGATCAATTGGGAAATAACTAGTGT  
 TGACTGGGACCGTGTGACCAACTGGAAGTGTGTTGGAAGAAACTGAG  
 AGCTGCTGGGTTGAGTGGAGCAACTGGAACCTGTGTTGGAACAAACAGG  
 GGACCAACTGGGATCACACTGTGGTCAGCTGGGATCACACTGGGTCAAAA  
 AAGATCACAGTGGCCAATTGGGTCAACTGGGTGAGCTGGGATCAGA  
 ACGAGTTAATAAACGTACAGTCGTCCGAGCCACACAGAGTCAGCCCTC  
 CAGCGGCGCAGAGCGCGCAGCGCGCACTGGCTGCCCGCGTAAGCGGAT  
 GTGACGTCACTTCGCGCGCGCTATTGAACTCCAGCAGCGCCCCCGCGA  
 GCGCCCCAATGCGCGGGCCAAACCGCGCAGCCCCCGCGCCGGGCTCGCGGTGAGTG  
 CAGCCCGTAGGAGTGCAGGTGTGGGGGGGGGGGGCGTCTGGAGC  
 GGAGCCTTATCACCGCTGTTTCCGATTTCGGCTCTTCGCCCCGT  
 TTCAGCCCAGCGGTACCGGCCGGTCAGAGGGCGCTGCGGGAGATCCGCC  
 GCTATCAGAGCAGCACCGCTCTGCTGCTGCCAGCCCTCGCGC  
 GTGGTAACGGGACTGCCCGAACGGACACCCCCAACCCCCAACGG  
 GACCATCCCCCACGGATGGATCCCCCCCCACACACATCCAACGTGGGAC  
 CCCCCGCCCCAAATGAGATCTAACGTGAGATCTGGGGCCTCAAATG  
 AGACACTCTCCCCCTCCCCAACGGAACACCCGAAAATGGGACCACAC  
 ATAAAAGTGGGACTCCCTCCTCCCCCGCCCCGTCAAATGGAACAC  
 CCCCCACTGGACCTTCAAATAACATTCCCTCCCCCAAATGG  
 ACTTACCAAAAGTGGGATCTCCCCCAAATGAACACCCCCCTCAAATG  
 AGACCCCTCGGACCCCCAACCCCTCTGCACCCATCNGCCGCGTGCA  
 CGGAAGGGAAAGGCTGTAGGGTACATCTACCTTATTCTGGTTGTG  
 TTTTGTGTTGTTATTAGAACAAAACAAGACAACAAAGGCCAGCC  
 AATGCCATTCCTGGCAGTGGACGCAGGCAGGGTTGGTACAAAG  
 CAAGAAGTTGCTCGGGACTTTGCTGTTGGGGCCGTTCTGTA  
 CTGAGCCATGGATGAGGAATTACTTATGCTGATTTAAGGCATCCTACGG  
 GCAGTTGCTCCTGCTAACGGCAGCGCGTAAGGGATGCTCTGTG  
 TGGGTGCTCACCGCAGGCTGGTTGGGGCTGCTGTTCTGAGAAC  
 ACCAGCAATGCTGGTGGGTTCTGGGTCACCCCTGGCTGTATGGGGAG  
 TAAAGGAAGGGTGGGGAGAAGGAAGCCTGGGAATGCCAGAGGTGTGG  
 TGGTTT

FIGURE 10

SUITE 7

45/110

Conti131.txt

AGAAGAGCCCCGTATGTCCTCCAGGTGCGGTCCCTCGGTGCCTGTGGGG  
ACAACGACAGCCCTAACGACAGTGTACCATCCTGGGTGGGGTCCCAAC  
CCAAATCCATGATCTCCATTGTCCCAGGCCATGGTCTGATGTCCCTCA  
GACCCTCCTAACCATGGTCCCAGCATCCAAATACCTCACGTGTTCAA  
TATCCCCACATCCCCCTCACCAAGCCAGGAGCAGTCGGACGGAGACACGC  
ATTGGTTGGCCAGTGCAGTGTGGGTGACAACGCAGCTGTAGATGTCCCC  
GTGGTGTGGGGCGTGCAGGGATCAGCCGTGCTGCCCGCGTCCGGCTGT  
AGGTTCCATCGGCTGCCTGGCGGTGACCTGAAGTCCAGCTGTCCATCACT  
GTGTCCCTGGGTGACTGTGATGTCCCCGAGCCCCGGCGCGCTGCCA  
CGTCACCGTCACATCCAAGGGTAGAAGCCAGACACGTGGCAGCGTAGCT  
CTGCTGACGTCCCCGGGCCACCACCCAGGTTCTCGGGGACAGCGTCACC  
TTGGGGGCTCTGGAGACATGTGGGGGACATCGGTCCATATAGCCCA  
TAGGGCCCCCTCTATAGGCTCATCCCCCTATAAACCTACAGGTGAAC  
TATGGGATGATGCCACCCCATCCTATAGTCCTCATAGGAATACCAACCCGG  
TCCCATCCACCCATAGCCTCCATAGGAATACCAACCCAGTCCCACCCACC  
CTACAGCCCCCACAGGAATATCACCCAGTCCCATCCACCCCTACAGCCCC  
CATAGGAATACGCCCTGCTCCATATGTCTATCTGACCAATAGGAATAC  
CACCCAGTCATACACACTCCGTAGGAACACTGCCAACCCCCACACCCCAT  
AGGAACACCGCCTGCCACATGGACGCACCAAAGACGTGGAGCTGCAGC  
ACTGTCTGTGTGCCCCGTGGGGCAGGAACACGGAGCAGATGTAGGTGCC  
CTCATCCCCCGGTGATGGCCGCGCAGCCGAGTGTACCGCTGTCACCC  
CGTCCCCATCCCGTGTCCCCAGCAGCAGTTGGCCCCGGGGTGGCGCG  
GGGGCGCGGGCGGTGGAACGTGTAGG

FIGURE 10

SUITE 8

46/110

AB1B3FOR.txt

CCAACTTCCTTGGTTCAGGGAAGAAGACTCACCCACTGCTTGGTTGT  
TGCACGGAAAAGCATGAAGAAAGCACCACATGATGAGAGGAACAGTTCA  
TCCCACAGCTCACGCAGGAAGAACCCATTAAATTAAATTGGGAGGGAA  
GCACTCACCCAGGTCTGAAGCTAGTTATCTGCAATGAAACAAATAAGAA  
ATGCATGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCATGGCTGATCCCATGGGA  
AGACCCCGAATCTCTTGGTTGCGGAGGAGGACTCACCCAACTGTGCAT  
TCCTCCCTCTGCAAAGGGAAAGCAGAAACAGTG

FIGURE 10

SUITE 9

47/110  
AB1C1FOR.txt

TGGGATCAAGTTGAGTAGACATAGCATCCTCGCTTTAGACAAGACCTGC  
ACAGTATAACCACCGTTACTGTGCAGATAATGACCAAAAGCAATATGCGT  
CACACTTTCTGGTGACAAACGTACAAAATGGCGGTGTCGTCATCGTGACG  
AACAGCACAAACGCCCTTCTCATCGAAGAGATTCAATCTGCCAGACCTGG  
TGACGCGAACCGAGATGCAACGGTTGCATACGCCGCGCACCGCCCTTC  
TCGTGCCGAGCGGACGTGGTTAGCATTGATTCCAGACCAACCACTTTT  
GCTCACCTTCGGTACATAAAATAACCGGCAACGGAACCGATACTTCGGCC  
ATTACCAACGGGTGCTCCTCCATGCAGCAACCGAAAGGCTGCTTGTCCG  
CGAGTCTACTGGCATTGTCGCTTCAAGGGTGTCAATGCCAATATGTTCAA  
AGCGAATATCCAGGAACCCACCATGTTCCCTCACCCATAGCATTAGT  
GCTTCCAGGGTGAATTCCGTTCCAGATCATTAAATAATCTCCAGTTAA  
AGCCTGCACAGGATGGCTTACCCCGTGCCTCAACCGTTTATCTGGCT  
ACGGCAAGGAATATCCGGTT

FIGURE 10

SUITE 10

48/110

AB3A11RE.txt

CCGT CGCCT CGGCT TCCCT CGGC TCCACCCCCCGTTCCGCCCTTG  
CCGCCGATCTCCGCTCTGTACCTCCCCAAGAAGTCGCTCAGACGGCG  
TCGC GTTGTCTGCACATCCTCGGGGACCGTCTGTTGTGCGGCAGCAGGGG  
AGGGGAGC GGGCGGTCTGTGCTCTTCTATTCCCTTCAGTACAAGAAGGTG  
GTTTGGGTTCTTAACCAAATATACTCTTTGTTTGCAATAAAATCACC  
AGAAGGAATTGGTCTGTTGAATATATAGGAGTGGTGGAGAGAGTCGAAGA  
AGTGTTCCTGTGACAAAACACCGTTAAAGTGAATTCATGGAGAACGCA  
CTGCAGTGACACAGAAGGGAAAACCGAAACATAAAATAATTGCGCATTT  
ATCATCGATTTCAGGGTCTTGGGCTGATTGCTTCCAGTATTCCCT  
TTGGAGAAAACCGGTGAAAAATGG

FIGURE 10

SUITE 11

49/110

AB5B6FOR.txt

TCACCTGGCTTGCTGCTCCAGACCCCGCAGGAAGCGACCCCCCTGGCCC  
CTGGCATCCCGCAGCCCCACACGCAGCTGTGCACGGCCCCACACTGGCGC  
CCCACATGGGAATCTGGGGGTCAAAGGGTCAGTGGAGTCAGGCGGGTCC  
AAAGGTCAAGTGCAGTCAGGAGGTCCCCAGATGTCAATAGGGTCAGGGGA  
GGGATCCAAAGGCCAATAAGGTCAAGGGGAGAGATTCAAAGGTCAAGTA  
GGGTCAAGGTGCCCAAGAGGTCAATAGGGTTGGGGAAACCCAAAGATTAT  
AGGGTCAGGAGGTGACCCCAAAGGACATCAGGGCCACTGATTGGGGTGG  
ATGGGAGAGGAATTGGGGAGTTCAAGGAGAGTTGGAGGGGATTGGGAGG  
TTTGGAGGAGACAGATGGGATTGGTGGGAATTGGGAAGATTGGG  
TGGGATTGGGATTGGTGGGATTAGGTGGGATTGGGGGATTGGGATTGG FIGURE 10  
TCTCTGGGTGTCCCATAC

SUITE 12

50/110  
AB6E4FOR.txt

CCTGAAACTTGGGTGAGCATCTCCATCAGCTCATCTGCAATGCAATGG  
GATCTTCCAGTCTTGGGTTTGTGCTCGTGTGCCACTATTTCATGGC  
ATCCTAAGATGGTGTATTATTTGTGACACTGTAAGAGACTGGAGC  
AGAAATTTGTCACAAATTAACAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURE 10

---

SUITE 13

51/110

AB6G8REV.txt

GTTCTATGATTCTTGGTCCGAATACCATGAAATCTGATATTCCATTT  
CACTATCTGAACGGGTTCTCTGCTGGATCACAGTGGTCCACACAAAGAA  
GCAGAACAGTATATCGCTCGCGTCTTAACGCAGACCGCAGCTACATGGT  
GACCAACGGTACTTCACTGCGAACAAAATTGTTGGTATGTACTCTGCTC  
CAGCAGGGCAGCACCATTCTGATTGACCGTAACTGCCACAAATCGCTGACC  
CACCTGATGATGATGAGCGATGTTACGCCAATCTATTCCGCCCCACCCG  
TAACGCTTACGGTATTCTGGTGGTATCCCACAGAGTGAATTCCAGCAGC  
CTACCATTGCTAACGCGGTGAAAGAAACACCAAACGCAACCTGGCCGGTA  
CATGCTGTAATTACCAACTCTACCTATGATGGTCTGCTGTACAACACCGA  
CTTCATCAAGAAAACACTGGATGTGAAATCCATCCACTTTGACTCCGGT  
GGGTGCCTTACACCAACTCTCACCGATTTACGAAGGTAATGGGTATG  
AGCGGTGGCCGTGTAGAAGGGAAAGTGATTTACGAAACCCAGTCCACTCA  
CAAACGTCTGGCGCGTTCTCTCAGGCTTCCATGATCCACGTTAAGGTG  
ACGTTAACGAAAGAACCTTAACGAAAGCCTACATGATGCACAAACAAAC  
AACTCTCCG

FIGURE 10

SUITE 14

CCACCACCGCTTGGCAGTGCCAGTGCTCCTCACAGGCTGTGGGCAGA  
 GCAGGTGACCCCCAAGGATTCCCTACAAAGAGCCCACAGAGACAGA  
 AATCCTTCACCTGAGCTGCAGCAAGCGCGGGTACACCCAGCATCAATC  
 TTTGCCAGCTTACCTTCCCAGCTTACCTTGCCTAGCTCCAGG  
 GTGCAATGCAGCAACTTGGCATCAGACCAATACAGTCAAAGGTTGGAGA  
 ACATAAAACACATCCCATTGCAGCTTGTGCACCACCTGGGTCTGT  
 ATCACCAGGAACATGGACACAGGAGAAGCTTGCCTAGCACAGGAGAAA  
 GCTGTGCGCTGCACTTCATGAGCATTCTCAATTCTCTGTATCCC  
 CAGGTTACAGGCACCAGTAATTCTGCCAGAGCTATTCTGAAGGGCACGTG  
 GTGAAGGATTATGGCTTGGAGCAGTGGGGAGAGCCAAAAGCCCTTCCCAC  
 ACTTGATGCACTCCAAGGGTGTGATCCCAGCATGCAGCCTCTCATGTTGG  
 AATGGTCATTTATCCTAAATCCTTGCACCTGGAGCAATGTTGAGT  
 TATTTCCCAGTGCATTCACAGTGAAGGTCCCCCTGAAGCCTACTCTC  
 TCCAGCCAATTCTTATGATCACGAAGGGATGATATGATGGTGACATGG  
 GGGATTTCCACGTGGATGTCAGGGCAGATGGGAAGGGGTGAGGGAG  
 ATGCCACCAGCAGAGTCCAATCAGGACACAGCAGTTGCTGCCAGC  
 ACCAGGAAGCAGCTCCCCCTTCCCTGCTGGAAATCACTCCTTGG  
 AATGTTTTTTCTGCTGTCACCCACATTGACAGGGCTGATCT  
 TCCAGGTCAAGCCAAACTCTGCATCCCCGACGGATAACCTCTCCCTCC  
 TAAGAATCAGTGCATCCTGCCTGCCTGCAAAGCAGCTGAGATGTCTT  
 TTGAGCCTTATTCCCGAGACCCCGTGCAGAACACACATCTCCAT  
 CCTCTCCCGTGGCAAGGAATGGGTTGCAAAGGGATGGGCACAACCA  
 GCAATATGCAAAGGAAGAGGTGTCGAAAGTCTGGGAGCAATGAATCTGT  
 CCCCCGGAAGATTTCCATGGGCAGTTAAGGAGGAATTGAAATGA  
 AGCAGATGATGCAGCAATGAAACTATCCCAGAAAAGGGGGAAAAGCAAT  
 TCTGGTAATGAAGATACATAAAGGAGAAGGGCTCTCGCTGACTTTCT  
 AGTTCTGTTGGTTAACGTCTTCTCTTGTGCTCTTGACTTTCT  
 TTGCGCTGCTCTGGTCAGGATGAGGCAGAGCCCTCACGGGCCCTTCACA  
 CCTTTTTTAGCACACAGAACGGCAGCGGCCGCTCAGCACCCAGCATCG  
 ATGAGAAGGGACTGCAAATAAATTAAATGCGTTACTGAATAGACAGTCGT  
 AATTAAAGTCAAACCCATCCCCTCCCAGTATTCCAGCTGCCAGGCATC  
 GGTTGGCACAGAACCAAAATTGCGCTTCTCCCCATCCCCGCTTA  
 TCAGCCAATGCTCTGACCCCTAAAGGTCTCGATTGGGCTTTTG  
 TTGTTGTTGTTCTGGTATTAGGCTTTATTATCAGCGATT  
 TTTCAGCTCTCACTGCTACCCCCCAGCTCAGCACCGCATCGCTCACTG  
 CCATCGCTGAACCCAGCGGCTTCCATCCCTCAGAGAGCAGCAAATGA  
 GACATCGGCCGTCGGCAGGGAAAGGCTGTAGGGTACATCTACCC  
 TTATTCTGGTTGTGTTGTTGTTGTTATTAGAACCAAACCA  
 AGACAACAAAGCCAGCCAATGCCATTCTGGCAGTGGACGCAGGCCA  
 GGCGGGTTGGTCACAAAGCAAGAAGTTGCTGCCGGACTTGTGTTGG  
 GGCGTTCTCGTAACTTCTGAGCCATGGATGAGGAATTACTATGCTG  
 ATTAAGGCATCCTACGGCAGTTGCTCTGCTAAGCAGCAGCGGGT  
 AAGGGATGCTCTGTTGGTGGGTGCTCACCGCAGGCTTGGTTGGGGCT  
 TGCTGTTCTGAGAACACCAGCAATGCTGGTTGGTTCTGGGTCCACC  
 CTGGCTTGTATGGGGAGTAAAGGAAGGGTGGGGGAGAAGGAAGCCTGG  
 GAATGGCCAGAGGTGTGGTGGTTTGAGCAAAATCAGCCAGATCGGG  
 AGCCCAATGTGAGAGAATGAAATGGTGGCAAACGCACCCCTGCATC  
 CACGTGGCATGAGGGCTGCAGACATCCCCGCCCTCCAGCCACCGGTGC  
 CCCACACTGGGCTCAGCTCACAAAGCCTGGGGCTGCTCAGCTCCACCC  
 CATGCTCATGGAGCCTGCAGGGCCTCACCACCTCCAGAACACACGTG  
 GAGGTGATGTCCTGTCATCTGACCTCCAGCGGGAGCCCATCCATG  
 CTCCCTGCTGCTGTCACCCCTCTGTGCCACCTCCCTCCAGCTGGGAACC  
 ACTGGGAGCCACTGGGAAGGGTCCAGGGGACCTGGAACTGGAGGAAAC  
 AACAGGCATCAACTCTGCTCATACACAGCATGGGAACCAATGGGAAGG  
 GTCCGGGGACCCAAATGGGAAGGGGACCCATCTGGC

FIGURE 10

SUITE 15

53/110 ..  
B5FOR.txt

ATTTGTTGTTCAGCAGAATGCATCTGTGTCCCCATCCCCACTCCACTTC  
ATTTCTTCTTTCTGCAATAGGAAATCCATCTGGAGGGACGGGGA  
CACAGGCAGGCTCACAGAGGGACCTGGGTAGCAGTGCAGGATTGGG  
CTGAGGCCATAGCAGTGACCACAGAATCGGTCAATTGTCGTTCATGGT  
GAAGATGGAGGGGTTCAAGCAGAAGCACTCCCTGGACTCCCAGAGGGC  
TGTCTCAGAACCGCTGCTTCTGCACAGAAGATGAACCATTGGTAG  
GGGGAGGGTCCAGGATGTGGTAGCAGTGTGAACAAAGCCTGTGCTTT  
ATAATTCTCTTCTGCCTGCTGCTGCAATTCTGAGGGCTGAATGGCAG  
CACGGGCAGACAGCAGCGTGGCTCGACACTCTATGTCAGTGCCTTCA  
TTGCAGGAAGAGAAAAGAAATGGAGTGGGATGGGCAAACAGATGCATT  
CTGCTGAACAAACAAATCCGGTATTGGGATGGAGAATAACACAGGA  
TTGTGAGCTGATTGCATGAGCGCATGCAGCGATGTCCCCCGTGTGCCCCG  
GGCAGTGTGGGTCTGCACAGCCAAACTCCTCACAGAGCCGTATTGCA  
GAGCTCACCCAAACGCCCTGGGCTTTGGGTGGCACACATCAGAGGG  
AGGGACTGCGTGTGCCCTCCATCTCCTGCACATTGGATGGAGACGTAAA  
GGTTCTTCTGGCAGACCCACTGGTGTTCACCACACAGACGTCGCCCTC  
CACTTTGTGTCTTGAAGGTCCCAGCGATTCTCCATCACGGAAAGGT  
TATCAGACCTGAAAATAAGGCTGTTGCACCCAAACACCGACTGAAAG  
GAGGCGGGCAATGGTGTGAGAAATACTCACTCTGTGCTGTTGAGGAGGA  
GTTGCCACCCATTCCATTGATTGTGGACACTCTAATCCAATCCACA  
CCGGCTCCGCACCTGCCATCTGCTGGAGGTGATCCTGGAAATGGCACCA  
AAATCCTCTGCAAGGGGCTGGAGGGGTGCAAGGCCACCAAGTCTGCCCT  
GTTGGACCCCCAGCAGATGGGACTCAGACAGCAGCCATGCCCTGAATGCT  
GCCCTGGCTCTGCAGGGGCTCAATGGTGGGAATGGCTTCAAACCGAGA  
TGGAGGCACCGGTGTGACCAGCTGAGCTCTGCTTCCATCCTCAGCCTGT  
TTGAAGGGTGGGAGGGGACACAACCCCATGTCACCCCTAGCCTGAAC  
CTTGATGTCTTAACTCAAACCATATGTGCGCAACCCAGCGTGCCTGA  
CCCCAACCGTGTGCCTACTGCCATGTGTTGACCCCTAACCTAAAGGGC  
ATAATCCAGACCCCAATCTCCAGTGTGCTTAACTTGGGTT  
GGAACCACTGACCCCTCTGCTGCCGCCCAGTCACCTCAGAGCGGTTTCT  
CCCACAGAATCCACCAAACCCACACATTTCAGGTCCCGTCCAGCTCCCT  
GCTCTATGCTTACCTCTGCCCTTCCGGAGCACAGCCAGCTGAGAC  
TGCAGATTTCACACTTCAATTGGCTTGTGCTCAGTCCAGTCCCTTTCTGT  
GGAAAGCTCATAGCATCGGTCCCCTAAAGCCTCCAGAACTGGGAGAGA  
GCAGGCAGGCAGCAGGGCTGGAGAGAAAGAGCCGTGAGCATCTCAGGT  
GGGAGAAATCCACCCAGGAGGATTCTTGGGAAGGGCATTACCTGCAG  
AGCTGTTCCATGTGGATTGGCAGAAGTACTGCTCAATGGAGGTATTCTG  
CAGAGCTCTGCTCCATTCTCCGTGGTCTCAGGGCAGTGCCTGGCAGC  
GCTTGGAGGTGGTGTGTTCTGAAAGACTTTGGGACAAACCTGGG  
GAGACGGGCCCTATGGGCCAACCCGTGGAAACCACGCAGGGTTGGGG  
TTGGATCCTCGAGCTTTGCAAAGCTTCTGGCTATGGTGCACCTCA  
GTTAATTAAACTGTCTAAACCATATTTGTATATAATTAGACATGATGT  
TTACTGCTTCTGCCCCCTGGTTAAGAGCAGAGAGGGCTTGCAGA  
AGGAAATTCCCTCACTGAGTGCACCTTGGAAATTGTTGTGATCACCC  
AAACTCCAGTGCAGGCCCCACTTGGCAGAATGAATGTGTT  
TCTGCTCAGAAGAGCTCGATTCTGTGCAGCAATGTGGTTGGGATCTG  
ATCACTCACCGCACACGCTGAGCCCTGTCAACAGCAGCAGCAGCAGC  
AGCAGCACCCCCAGCATGCAGGCTTCTGGAAAGTCCCACGGAACTGGAAG  
AGCCCCACACTTATATAAACAGACATTGGAAAAACTTTCTTTACA  
GAAATGATCTCCCTGTGAAAGAGCCCTCCACCAACCTGCTACGTTAGAG  
CAGAAGTTGATGGCTGCTTGGTTCTTGAGAATTGGGTCCCCGGACC  
CTTCCCATTGGTCTCCATGCTGTGATGAGCAGAAGTTGATGCCTGTTG  
TTTCTCCAGTCCGGGGTCCCCCTGGACCCCTCCAGTGGCTCCCAGTG  
GTTCCCAGCTGGGAAGGAGGTGGCACAGAGGGGTGACAGCAGCAGGGAGC  
ATGGGATGGCTCCGCTGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGC

FIGURE 10

SUITE 16

54/110  
B5FOR.txt

ACCGCGTGGTTCTGGAGGTGGAGGCCCTGCAGGCTCCATAGAGCATGG  
GGTGGAAAGCTGAGCAGCCCCCAGGCTTGTGAGCCGAGCCCAGTGTGGGG  
CAGCCGGTGGCTGGAGGGCGGGGATGTCTGCAGCC

FIGURE 10

---

SUITE 17

55/110  
B5REV.txt

CCCAGAACCAACCAGCATTGCTGGTCTCAGAGAACAGCAAGCCCC  
 CAAACCAAGCTGCGGTGAGCACCCACCACACAGAGCATCCCTACCGCG  
 CTGCCGCTTAGCAGGAGGAAACTGCCGTAGGATGCCCTAAATCAGCAT  
 AAGTAATTCCATCCATGGCTAGAAGTTACAGAGAACGGCCCCAAAA  
 CGACAAAGTCCCGCAGCAACTTCTGCTTGTGACCAACCCGCCCTGCGCC  
 TGCCTTAAATAACAACAAAACACAAACCAAGAAATAAGGGTAG  
 ATGTACCCCTACAGCCTTCCCTCCGTGCGAACGGCGATGTCTATT  
 TGCTGCTCTTGAGGGATGGAAACGCCGCTGGGTCAGCGATGGCAGTGA  
 GCGACGCGGTGCTGAGCTGGGGTAAGCAGTGAGAAGCTGAAAATCGC  
 TGATAATAAAAGCTAAAAATACCCAGAACACAACAACAACAACAAAA  
 GACCCCCAATCGAGACCTTTAGGGTCAGAGAGCATTGGCTGATAAGCG  
 GGGATGGGGAAAGAAAGCAATATTGGTATTCTGTGCCAACCGATGCC  
 TCGGCAGCTGGAATACTGGGAGGGATGGGTTGACTTTAATTACGGCT  
 GTCTATTCACTGAGGATTAAATTATTGCACTCCCTCTTCCATGC  
 TGGGTGCTGAGACGGCCGCTGCCTCTGTGCTAAAAAGGTGTGAA  
 AGGGCCCCGTGAGGGCTGCTGCCTCATCCTGACCAGAGCAGGCAAAGAAA  
 AAGTCAAAGAGCACAAAGAGAAAAGCAGTAACCAACAGAACTGCGTCC  
 AGACAGCGAGAACGCCCTCCTTATGTATCTTCAATTACAGAATTGCT  
 TTTCCCCCTTCTGGATAGTTCAATTGCTGCATCATCTGCTTCAATT  
 CCAATTCCCCCTCTTAACCTGCCCATGGAAACATCTCCGGGGACAGAT  
 TCATTGCTCCCCAGACTTCGACACCTCTTGCATATTGCTGGTTG  
 TGCCCATCCCTTGCAAAACCCATTCCCTGCAACGGAGGAGAGGATGGAG  
 ATGTGTGTGCTCTGTACGGGCTGCAAGGATAAGGGCTGCAAAGACA  
 TCTCACTGAGCTTGCAGGCAGGCAGGATGCACTGATTCTAGGGAGG  
 GAGAGGTTATCTGTGCGGGGATGCAAGGTTGGCTGACCTGAAAGATCA  
 GCCCTGTGCAAATGTGGGTGAGCAGCAGGAAAAAAACATT FIGURE 10  
 CAAAGGAGTATTCCCAGCAGGGAAAGGAGGGAAAGCTGCTTCTGGT  
 CTGGCAGCAAACGCTGTGCTCCATGGAAACTCTGCTGGGGCATC  
 TCCCCCTCACCCCTCCTCATCTGCCCTGCACTGCATCCACGTGAAATCCC  
 CCTGAAAAGCCCATTGGTGCACATGCATCACATTATTTCGATTCA  
 GCATCAGACGGACACAGGAATGGGTTGGGGATGGGGGGGGCTGAG  
 GGTATATCTTTGCTGAGCCAGGTTTGAGTCATGGGGATAATTTCAT  
 TCCAAGGGGAGGGGGCATTAACCTGCAAGGTTGAAACAATGAAAGGCAGT  
 GGGAGGTTGTGATTGCACTGGGAAAGCACTGGTTTTCCATAAATT  
 GGGACTGATGGCTGTTGCTATTGGGATGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
 TTTTTTCCCCATATTACATTGCAATTTCAGTCCTCTCATG  
 CTATCCCTGGCAATGCTAGGACTTCTCCCTGCTGTTCTGTTGGCGAT  
 CATTGCCACAGAGGGAGGAATTGCTTTCATTGGGCACTGCAATGAGT  
 TTTAGCACCCAGAAATATTCATTGGGCTCTGCTTGGGCACACTGC  
 TGATGGGTGGAAGTTGGGTTGCAGGTGAAAGTGGAAAGCCCCAAAATGGA  
 GGAAGTGAGGGAAATATCCCCATGTTGGGCACAGAACGGAGCAGGAGGG  
 AAGGTAAACAGCCGAGCCATGCCCTAACACATCTGTTATTGTTATT  
 ATTGTTATTATTGATTACTCTTAACTTGAGAACAAAGGGGAGG  
 GATGTGGGTGGAAGAAAATGAGTCATTTCTGACTTCCCTCAA  
 GGGGAAAATTGGTGGTGGTGGTGGAGCAGCAGGGACTTCTGCTGTGA  
 GCAGCCACATTGGAAAGAGTCTGTTATTGCAATTGTTATTGTTATT  
 TCTGATGTTTATTATAATTGTAATGAATCTCCCTGAGGCAC  
 TGGATGGGGAAAAAAACACATTGGGGCTACTGCTCACACCTGG  
 GGTGCACTGTTGCCCATGGAGGCTCCCTCTCCCATAGGTCCCAGCCGTG  
 GGGCATGCGTTACCTCCAGCTCACGATGGCAGCAGGGTGTACAGTGTG  
 CTCATCACTGCTGTTGCCTTGCAGGTGAGTGCTGAGGGTCCAAAGAGC  
 AGAGAAAACCTTGGG

SUITE 18

56/110

A52FOR.txt

TTCTCCCACAGAACATCCACCAAACCCACACATTTCAAGGTCCCGTCCAGCT  
CCCTGCTCTATGCTTACCTCTTCTGCCTTCTTCCGGAGCACAGCCAGCTG  
AGACTGCAGATTTCACACTTCATTTGCTGTCCAGTCCCTTT  
CTGTGAAAGCTCATAGCATCGGTCCCCTAAAGCTCCAGAACTGGGGA  
CAGAGCAGGCAGGCAGCAGGGCTGGAGAGAAAGAGCCGTGAGCATCTTC  
AGGTGGGAGAAATCCCACCCAGGAGGATTCCCTTGGGAAGGGCATTACCT  
GCAGAGCTGTTCCATGTGGATTGGCAGAAGTACTGCTCAATGGAGGTATT  
CTCGCAGAGCTCTGTCCATTCCCTCCGTGGTCTCAGGGCAGTGCCGGG  
CAGCGCTTGGAGGTGGTGTGTTCTGAAAGACTTTGGGCACAACCTG  
GGGTGAGACGCGGCCCTATGGGGCCAACCCGTGGAAACCACGCAGGGTT  
GGGGTTGGATCCTCGAGCTTTGCAAAGCTTCTGGCTATGGTTGCA FIGURE 10  
CTCAGTTAATTAAACTGTCTAAACCATATTTGTATATAATTAGACATG  
ATGTTTACTGCTTCTGTCCCCCCCCTGGTTAAGAGCAGAGAGGCTTGT  
CAGAAGGAATCCTCTCACTGAGTGCCACTTGGATTGTTGTGATC SUITE 19  
ACCCAAACTCCAGTGCAAAGCCCCAGCCCCACTTGGGCAGAATGAATGT  
GTTTCTGCTCAGAAGAGCTTCGATTTCTGTGCA

CTGCGCTGGGGATCTGTTCCCTGGCAATGGAACAGCTGTTGGTG  
 CCTTTTTGGAAAGATCTCTTATCGGTGCATGAAGAACAGCTGACTA  
 ATGGGAATGAAAGGAGTGGTGGCTGTTGAGTAATTGACTGATAGGTTG  
 ATGGAGGGATACTTGAATTAAGAGCTTGGCTCTTATCTCATTGCCTCT  
 GTGACACCAGGTTGGAGTGGGCCAGGCCCTGGCACGGTCAACTGCTCAC  
 TGTTGGCAATAGGAACATTTTGAGCCTCAGAGAGATTTGGAGGA  
 ATGGATGGATCATTGATGCTGTTGCTGGGGGGACCAATGTGATG  
 GATTAATTTTCAGTATAAAAATAGTTGTCAGGTGAACCTCTGGTGA  
 CTGAGTGGATGGTGGATGGAGGATGTGAGTTCTGTGGAGGGATGGAT  
 GGTTGGAAAGGTTGTTGGATGCAGTGGTGGCTGGGATCTACATT  
 TGGGCAATGGATGGATGGACTCTGAGAATATAGACTATAGCTGAGTTGG  
 CAATGACCAAGAAGGACATTGCGTTTGTGTTCTGGCTCATGTAGGATC  
 ACCCAGGAATTAAACCTATGTCATGGTTGTAACCTCGCTATTGGTAT  
 TCCACATCATAACATCATGGACAAAAGAGAACAGTACAAAGTTACAAA  
 CCATGACACCCACTTCTGAAAGCAGTTGAAATGCTGGGGAGCTGAA  
 TGGTTGATGGTGGTGGAGTCGTGGGGGGAGGTGTCCTGTGGGGCAG  
 TCCCTGGGAAGCTATAGCTATAAGTCACCCCAATGCCCTCTGTGTGG  
 AGTAGTGTGGGTGGGGTCAGTGGGATACCACAGTGGGGTGGAGCCCAGG  
 GGAGTGTCTTGAGGTCAAGGGGGTGGAGCAGGGCTCTAGAGGCCTT  
 TGGGGGGTCCAAAAGGAGTTGATGAGAGAGAGAGTGTGGGAGATCCATGG  
 GGGGGCTGCAGGCCTCAAGTGCCTCCATCTCTGCCAGGTGCCAGGAA  
 CACTATGGGTGGGGACACTGTGGCCCGCAGTGCACCTGCATTGGGCA  
 CCTCCCCATGTCCTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
 TGGCCCCGTGAAGGTAAATACCCCATAGCAGTCCCTGAACCTCCAGGGGA  
 TCTCCCTGGGTATCTCCTGGGTACCCCAACCCCTCCTGGGACCCCTGCT  
 CCCACCCCTGGGAATCCAAAAGTCCACCCACCCAAAGCACCCCTAAC  
 CCCACTGCACCCACTATCCCTGAGGTCCCCAATACTCCTTACAGCA  
 TTCCCATCCTCCTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
 CCCTGTAATGCCCTTAGGGGACCCCTGCAGCAGGCCAATAATCCTCCAT  
 GTCTACCTCCAGACACTGCAGTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
 GTGGGGCCTGGAGGCCAGTGGACGCTATAGGGTGAGCTCTGGGGCCGGG  
 GGCTGGAGCCCTTGAGACCACCTTGACACCCGTGAGCTGGGAAAGGGG  
 GTCCTGTGGGTGGGAAGGGGCACTTGGGTGGAGGACTCTGGGATACCC  
 AATACCTGGATGATTGGGTGCTGGGGACATATGGATGCTGGGTCTGA  
 AGTATGGAGGGGGGTACCAAGGAATCTGCATCCTGGGTGGGAGCTCTG  
 GGGGTCTCCAAGTACCTGAATAATGGGTACCTAGTTAGGGGAATGCCTTG  
 GGGTGGGGGGGGGGGGCGGACACAGCGGGGATGCCCTGTCCTGGTAGGTG  
 AACAGGGACACCCAACTGGTGGGCCACCTACACTGCTCTGCTTCAG  
 CACCCCTCCCCACCCACATCCCCGGACTGCCTGAGGAGCAGCTCAAT  
 GGACCGGGGCCTCACGAGAGGTCTCATCTCCTCGGGGGCAGCGGA  
 CGGGCCACTGCACGTCTCTGCACATGGAGAGCAATGGGGCGGCTGGC  
 TGGTGGGGAAACGGGGCGGTGGGGAGGGTGTGTTGGCTCTAGGGGG  
 GCTATGAGGAGTCTGGTGGCAATGGGGTACAGGGTGGGAGCTGAC  
 TCCATGGTTGCCATTATAAGGGTGGATTGCAATAAGAGACCTGTGGAG  
 CAACTGGGGGCAATTGGGTATCTGGGAGGGTCTGTGGGGTTGAGAAG  
 CAATGGGGGGGGGGAGTGGGGAGGGCTGGAAAGATTAGGGGAGGTTAATG  
 GGAAGGTCTTGTGGGCAATTGGGTAAATTCTGGAACTGCAGGGGATC  
 CCAGTGTCTGTGAGATTACATACCCCTATACTATCCATGGGATCA  
 CAGTAACCCCTCTGGAACATATAATGGGGAGAACCCAGGGAGCAATGGGG  
 GGCTGTGGTGGATCTGGGAGGGGCAATAGGGTGCCTGGGGGGCAATATG  
 AGGGTCTTAGGGTGAATGTTGGGGTCTAGGGGGAGTAATGGGGGTC  
 TGGGGCAGTGGTGGGGTCTAGAGGGG

FIGURE 10

SUITE 20

GGAGGGAGCACTCACCCAGGTCTGAAGCTAGTTATCTGCAATGAAACAA  
ATAAGAAATGCATGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCATGGCTGATCC  
CATGGGAAGACCCGAATCTTTGGTTGCGGAGGAGGACTCACCAAC  
TGTGCATTCTCTCTGCAAAGGGAAAGCAGAAACAGTGTGTTGAG  
AGGAGCAGCTCATCCCACACATCGCACAGGAAAACCCCCTTTTATTAA  
ATTGGGAGGGAGGACTCACCCAGTTCTGAAGCTAGTTCTTGCTAAAGA  
AACAGATAAGAAATGCATGATGAGAAGGGATCAAATTATCATCCCAGGAA  
ATACCCAGATCTCTTGGTAGCGGAGGAGACTCACCGAACTCTGTGT  
TTCTTCTCTACAAAAGAAAGGCAGAAACATGCATGAAGACAGGGAGCA  
TCTCGTCCCACAGCTCCAAAGGAAAACCCCTTTTGTAAATTTAAA  
GGCAGCACTCACCCAGATTTCAACTAGTGTCTGCAAAAGAATCAAAT  
AAGAAATGCGTGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCAGGCTGATCCA  
TGGGAAGACCTGAAATCTCTTGGTTGCGGAGGACTCACCCAACTTGC  
ATCCCTCTCTGCAAAGGAAAAGCAGAAGCAGTGCAGTGAACGTGAA  
CAGCTCATCCCACAGCTCACAGGCACTCCCTCATTTGTATTTGTTG  
GGAGGGAGGAGCTAACCACTGAGCTAGTGTCCCTGATAAAGAATCA  
ATAAGAAACGATGACCGAGAAGGCTCAGGTATCATCCCAGGCTGATC  
CCATGGGAAGTCCCAAATCTCTTGGTTGAGGAGGGAGACTCACCCAA  
CTTGCATCCATTCCCTCTGCAAAGGAAAAGCAGAAACATGCATTATGA  
GATGAATGACTAATTGCACAGCTCCAAAACATTAAAAAAAAAAATAG  
TGGGAAGGGAAACTCATCCACTATCGCAGGTAGTTCTGCTGGAAAAGAAA  
GAGCAGAGCAGTGCATGGTCAGAGAGGACAGCTGCTCATCCCACAGCTGA  
TGCCATGGGAGACCCCTGAATTCCCTACTTGGGGAGGGAGACTTACCC  
AACTCTGCATCTTCCCTCTGCAAATAGAAGCAAAGGAAATGCATGGT  
CAGAGGGAAACACCTCTCATCCCAGGTTGCTCCATGCCAATACCCCCA  
AATCTTGTCTGGTAAG

FIGURE 10

SUITE 21

59/110  
Conti508.txt

CAGTGACAGTGCAGGTGGAGGGACACGGCGAAGGGACGCTGACGGTGGGT  
GGCTGCATGGACATTGGTGTCATCTCCAAGACCGATGTCCCCCTCACACC  
TCCCCCTCATGGTGTCCCCCTCATGCTGCCACGGTGTCCCCCTGCTGTCCCCAT  
CATGGTGTACGCTGTCCCCCAGGTGCTCCGCCAGTTCCGCCGTGCTGTAC  
CTCCGAACGCCACGTGCCAGGCCTGCACCTGGAGGTGGCCATACCGGC  
CCCATCTGTACCATGGTGAGGCCACCCAAAGGCCCGCCCCCTTTTC  
CTCGCGGGGGCGTGCCTCAACCTGTTGCATATCCAACCCCCAGC  
AGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGAGGAGGCAGCTAAGG  
AGGGGGAGGAGCCTACGGAAGGGCAGTGCCGTGGAAGGGCGGGCCA  
GCAGATGACCCCCCCCCCTCAGCCCCGTGCTTATGGGATGCCGTAA  
GCGGCAACGCCAGCACACATAACCCCTGCCACGAGGTGGCCTTCCTGG  
TCTGCTTCCGGTGGAGGGCGGAACCTCCTGTCCTGGGGGGCGGGTCTTCC  
TGCTGATGGCGTGGCCTGTTGTAGGCAGGCCAGGGGTGGCACTGACT  
GGGATGGCGGTGGAGATCACTCTGCTCAGTGGCTTCACCCCATAG  
AGCTGACCTGGACAAGGTAGGGGCCAGGGGACTTGTGGGACATGTTGG  
GGGGTTGAGGGAGTTATGGGTGTGGGGTTGGGGTGTGGAGTTGTT  
GAGGTGGCAGAATGTTGGGTGGAGTCATGGGATATGGGG

FIGURE 10

SUITE 22

CCACTCTTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCACGTCAAGCCCCGACTCCGTCCA  
 GCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCCTCACGGTGCAGT  
 ACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGCCCGTGGACGGTGGGTG  
 CGCACAGTGACCGTGCCCGGCTGTCGCCGTCCGCCGCTACAAGTTCAA  
 CCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCATGTCCACTGATG  
 CTGTACACAGGTGAGCATGCTGTGTTCTGCCTCCATGTTCTTGCTTTCA  
 GTGTAGTTGTCATGTGGCAGGAACCTTCAGGGCACTTTGGTTAATGT  
 TGCCTTAATAGTCAAGGAAACAATTGTTCTGAGTGGGAATGCCTA  
 ACGGGATGGGAGTTGGATGATGAGAGGACAATCTTATAAGGGATGATT  
 GATAATTATTGCGGAACGGATGGAAGGAAGGGTGGATGGAATGGT  
 TTTGGATAAAATTGTCAGAGCACAGCTGGAGTGGATGGAATGTTG  
 CTTGCTTGTGAATAGATGGATGTTGGTGTGTTGGTGTCCACTGA  
 GAATTCCCTCCCTCTGTCAGCAGCAGCTCCAGCACAAAGAGGGAGCCAC  
 CTTCCCCACACGTCTGGTGAGCTGACAGCGTCCCATGTCGGCCCCGAC  
 TCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCTTGACTCCTTCAC  
 GGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGCCGTGGACG  
 GTGGGTTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGCTGTCGCCGTCCCGCCTAC  
 AAGTCAACCTGTATGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCATGTC  
 CACTGATGCTGTACAGGTGAGGGCAGGAATTGGCACCTGGTGGCTCTG  
 GGTGAGCAGGTAGAAATGTAACGTGGCCTGCCGTGGGATCTTGGT  
 TTCCCCCTGGCAATGGAACAGCTGTTGGTGCCTTTTGGGAAGGATCC  
 CTTAATCGCAGCATGAAGTATGAATGGACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTG  
 ATGGCTGTTGAGATGAGTTGGTGGCTGCTGAGTAATTGTCGTTGGAAAT  
 GGATGGACAGATATGTGAAGGAGTGAAGGAGTGGATAAAAGTAATTAGGA  
 ATCGGTGGATGAAGAATGGGTAGGTAGACCCCTGGTGAAGTGGTGAATG  
 GAAGGATTATGAACAGATATGAGTTAATTCTGCATCGAAGTAGGTGTA  
 AGTGTCTATTAGCCTGTCAGTGAACATGCAGTTGCATAGACAAATGAG  
 TGGGGAGAAGTACGGAGTAAATCCCTGCATGAATGGTAGGACAGAAACCT  
 GAATGCCTGGATGCTGGCAGTGTGAAGAATGGCACTTGGGATAGATGGTT  
 CGAGTATGGGTAGATAAAAGATGGATGAAAAGAGGAACAGAGAGAGG  
 GTGATTGGATGAATGGATGGATGGTGGATGTGACTGATTGACAGGTACC  
 AAGCTTTTCTGCACTGTGCCCTCTGTGCTGCAGCTGCAGAAGAGACG  
 GAGGAGGAACCACCGTCCCAGCCACGCCCTAGGAGAGCTGACGGCATCCCA  
 TGTCAGCCCCAACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCATCCCTGAGGGCTCCT  
 TTGACTCCTTCACGGTGCAGTACATAGACGTGCAAGGCCAGCCGAGGAG  
 CTGCACTGGATAGTGGTGCACAGTGACCGTGTCTGGTTGCTGCC  
 ATCC

FIGURE 10

SUITE 23

Conti534.txt<sup>61/110</sup>

GCACAGAAGGAACCGCCATCCCAACCACGCCTGGGTGAGCTGACGGCCTC  
CCACGTCAGCCCCGACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCT  
CCTTGACTCCTTCACGGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAG  
GTGGTCCCCGTGGACGGTGGGTTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTC  
GCCGTCCCCTCGCTACAAGTTAACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGC  
GTCTGGGCCCCATGTCCACTGATGCTGTACAGGTGAGCATGCTGTGTT  
TGCCTCCATGTTCTTTGCTTCACTGATGCTGTACAGGTGAGCATGCTGTGTT  
TTCAGGGCCACTTTGGTTAATGTTGCCTTAATAGTCAAGGAACAAATT  
GTTCTTGTGAGTGGGAATGCCTAACGGGATGGGAGTTGGATGATGAGA  
GGACAAATCTTATAAGGGATGATTGATAATTATTGCGGAACGGATGGAAAG  
GAAGGTTGGATGGATGGAATGGTGTGTTGGATAAATTGTGCTCAGAGCAC  
AGCTGGAGTGTGGATGAATGTTGCTTGCTTGTGATAGATGGATGTT  
TGGTTGTATGGTGCTTCACTGAGAATTCTCCCTCTGTGCTGAGCAG  
CAGCTCCAGCACAGAGGCCACCTTCCCCACACGTCTGGGTGAGCTG  
ACAGCGTCCCCTGTCGGCCCCGACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCC  
CGAGGGCTCCTTGACTCCTTCACGGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCC  
AGCCACAGGTGGTGCCCGTGGACGGTGGGTTGCGCACAGTGACCGTGCC  
GGGCTGTCGCCGCTCCGCCGCTACAAGTTAACCTGTATGGGGTGTGGGG  
GCGGAAGCGCTGGGCCCCATGTCCACTGATGCTGTACAGGTGAGGGCA  
GGAATTGGCACCTGTTGGGCTCTGGGTTGAGCAGGGTAGAAATGAAAC  
GTGGCCTGCGCTGGGATCTTGTGTTCCCCCTGGCAATGGAACAGCTGTT  
GGGTGCCTTTGGGAAGGATCCCTTAATCGCAGCATGAAGTATGAATG  
GACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTGGCTGTTGAGATGAGTTGGT

FIGURE 10

SUITE 24

62/110

Conti547.txt

CTGTGTCCCCAACCTGCTTGGTGTTCGGCAGGACACGCTGGTGGCCCTG  
GAGGCCTGGCCAGATGTGGCTGCACCTGGGGCGTGGGAACACAATGGG  
GCTGAACCTGGGGCTCTCCTGGCCGGGGGTGCCCGGGGAGGGCTGGT  
GCACTCAGGTTATGCTGAAGCCGGGCTGGAGCCCTGGAGCAGGAGCTG  
CAGGTGGGGACATGGCGGGATGTGGGGACACGAGGGATGTGAGGACACTG  
GGGACATGTCTGGACTTGGTAGGATGTAACATGAAGACACTGGGGACATG  
TAGGACATGGGGACATGAGAACACGGGATGTGGGGACATGGTAGGAC  
ATGATGGACACAGGGCTTGGGTCTTGGGTCTCGCTCTGTCCCCATG  
TCCCAGGTGCCTCTGGCAGCCCAGTGACAGTGCAAGGTGGAGGGACACG  
GCGAAGGGACGCTGACGGTGGGTGGCTGCATGGACATTGGTGTCACTCC  
AAGACCGATGTCCCCCTCACAAACCTCCCTCATGGTGTCCCCCATGCTGC  
CACGGTGTCCCCCTGCTGTCCCCATCATGGTGTCAACGCTGTCCCCAGGTGCT  
CCGCCAGTTCCGCCGTGTGTACCTCCGAACGCCACGTGCCAGGCCGTGC  
ACCTGGAGGTGGCCATCACCGGCCCCATCCTGTACCATGGTGAGGCCCG  
CCCCCTTCTCGGGGGCGTGCCTCAACCTGTTTGATATCCC  
AACCCCCAGCAGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGAGGAGGCG  
GAGCCTAAGGAGGGGGAGGAGGCCTACGGAAGGGCAGTGCCGTGGAAGG  
GGCAGGGCCAGCAGATGACCCGCCCTCAGCCCCGTGTCTTATGGG  
ATGCCCGTAAGCGGCAACGCCGAGCACACATAACCTGCCACGAGGTG  
GCCCTCTGGTCTGCTTCCGGTGAGGGGGCGAACCTCCTGTCCCCCTGGGG  
CGGGTCTCCTGCTGATGGCGTGGCTTATTGCTGAGGGCG

FIGURE 10

SUITE 25

63/110  
Conti548.txt

CCTCTGCTGCTTCCAGAGCAAAGGAAAAGGGAGAGGGGGCTCCCAC  
CCTATCCCAGAGCATCAGATGGCAATGGATGCAGCAGCTCCGTGGTC  
TGGAGGTGGCACGTGGCAGGGAGCGAGGACGGCTCGGAGATACCGAGGTCA  
TCAGCCACCGAAACCATCTCAGGAAAGGAAATTCCACACACAAACTCCAT  
TTGGAGCACCTGGCAGAGAAGCTGAAGCTTGGAGCTGGATGGAGACAG  
AGGGGAGAAGGAGAAACTCTGCTCGTGGCGAAGAGGACATTCCCCTCCA  
ATGGACACGGGATGATGGAGGTCCCCTGGAGCCCCATAAAGGAGTCA  
GTGCAGGAGGATGTGGTCAGCCCTGTGTTATTCCCTAAAGCCCTGTTAA  
TCCTTCATGTCCATGCTGAAAACCTCTCTCGCGAAGTCCAACACATTG  
CATCTCTCCCTTCTTCTCCATCACAATATCCTCCCCAAACCCCTTT  
TCTTCCTCCAGGAGCAGATTCACAGCGATCTGGAGAACCTCAAGAAACAA  
AAGGAGGAGCTTAAACTCAAAGGAGTGGGAGAGGCGATGCCAAGA  
CCTTCTGGTAAGAAGCTGTTGCCTCAAGCTGGAAAAACAGAGGTCTTT  
TGGGTCCACGTTGTTGATTTCACACCTACAGACACGGACGGAGGCT  
GAGAGGAGAAAATTGTGTCAGAATTCCGTCAGCTCCGCCGTTCTGAA  
GGAGAAGGAGATGGTGCTCGTGGCACGGCTGGGGAGCTGGACAGGGCTG  
TGCTGAGGAGGCAGGAGGAGGAGGAG

FIGURE 10

SUITE 26

64/110  
Contig51.txt

AGCCCAGCACTCTGCAGTCTTCTATCAGTTCCAATAGAGGAATTTGGTG  
GTTAGAAGGGGCTGGAAGGACTCACTCTGCTTGTGGTCTCAGCTGCTGGA  
AAACAAAGCAGAGAAATAGCTGGTCAGCAGGGCAGCTTGGTTCTGGGA  
CGTCTCCAGAGGGTCTGGACCTTCCACCTGCCACGGTCCACCCACAT  
TCCTATCTTCCGCCACACCCCTTTCCCTTCCTTCATTCCAAATCA  
AACGGCAAATGTTATTAATGACCACTGTCAATCCCCAGAAAAATCTCCC  
TTTCTCCTGCATACCTCCACGGACCTGAGCTCAGCACCAACCCGACCATC  
CCTATCCCTGCTCAACACCCCTGTGATCCATCCCTCCATGCTCAACT  
CACCTTCTCCTATAGAGAAAAACAGTGATGACAAATGACCAACCAGA  
ATTGTGACGATCACAGCCAGAGCCACCTCCAGGGATGGGTGATCTGGGA  
AAAGGGTCTGGAAAAAACATCAGGACAAGGGTCTTCCATTCCAT  
AAGTGGAAAAGCAAGACTCAGCCTGGGACATCACAGAACCCAAAGGGC  
AGCAACCAGGGAGCAGTGATGCACAATGACGGCATCCCCATATTGGCACA  
GGTGGAGGAGCTGCTCAGCATCGTGTGCCACTGCCACTGAGCCATGGAG  
AAACCCATCCCAGAAATCCAACCCAAACCACCTCATCCATGCAGACTTATC  
CACAAATTGCACTGTGCACCTGCTCCAACACCCAGCATCTCATGGAACAAT  
TTAGCTCCGACCTCTTCAAAGGCTGCTGTCTCAGCTTCCATCCATG  
GATGTGAGGATGAGGATGGACAGAGGTGGGGGGACACACAAACCCAG  
CAACACCTGGAGGGGTCAACCCAGCCACTGACCTGACACCTCCAGGTCCA  
CCACAGCGTCTGCA

FIGURE 10

SUITE 27

65/110

Contig99.txt

CCAGCAAGGCCAAGGCCATAACGTCAGTGCCGGTGAGACTGTCTG  
ATGCGGTTGCGCGAGGAGACTGAACATCGGTGATTAGGCAGAAAG  
TATTTAGCGATTGATTGAGGTTCAATTATGCGGCTTCCTCTGTGGCTGG  
TGGGTTTGGTCTGGCTGTGCTTACTATTGGCGGATGCTGGCGCCTT  
AACGCTTCGGCCTGGTATCGGGTTATCTCGTCTGGTATGATGGCCT  
CCGATTCAGGCGGAATTGCATCGCGCTTGTGGATAGGTGTCAAGTTA  
TCGGCTTAATCAAGCATTGCTTGTGAACAACCGCGTAGACACCATCA  
CCATCAGAAAAAGTTCTGCGCCGCCACAGAACGGACACTCAAGCAG  
AAAAGCCAATGAGGTAGCTTGAGATCGAATATCATTGGTTCATGCTGC  
CTCCCGCTGTTCACTGCTTGAGCTTGCGGGTACTCATCCGGATCC  
GGATGAAGTCTTCACGGCGGTAGTTGGTCATTCGTGGGACCATGGAGC  
CAGTTGACGTATCCCTGACCGTAACGAGCGACCAACCCAGCTCGTATTG  
CTGCGCACGGTCGCTCTTGGCGGTGACTTGGCAGCTCCGGCATTAC  
AGGATTGCACTGCTTATGGCGTTGCGTTCTCAAAGCGCAGTTGGG  
TAAGCACCTACTGTCTTGAATGGCGCAATCCCAGCTGGCACCAGCAG  
ATCAGGCAGATTGGCTCGCCGCAGCTGATGGCAATCGCGTGC  
GCGCACGGATAAAGGCAGTTGAAAGCTTCTGAGCCTGAGCCTGTAGTAT  
CCGTCTGGCCTGAGCTCTGCCAGCCGCTCTGGCGCTTGGCGCCGTC  
CTTTCAAGCCTCTTTGCTCTTGATGCGCTTAGCCGGCTTCACCT  
TCTCCTTCTTGCCTTCCATTGCGAGGATTGCGCCATGCTCCGGGG

FIGURE 10

SUITE 28

66/110  
ContigB5.txt

CCCTATGGGGCCAACCCCGTGGAAACCACGCAGGGTTGGGGTTGGATCCT  
CGAGCTCTTTGCAAAGCCTTCTGGCTATGGTGCACTCAGTTAATTAA  
ACTGTCTAAAACCATAAATTTGTATATAATTAGACATGATGTTACTGCTT  
CTGTCCCCCCCCTGGTTAACAGCAGAGAGGGCTTGCAGAAGGGAAATT  
CTCTCACTGAGTGCCACTTGGAAATTGTTGTGATCACCCAACTCCAG  
TGCAAAGCCCCAGCCCCACTTGGCAGAACATGAATGTGTTCTGCTCAG  
AAGAGCTTCGATTCCTGTGCAGCAATGTGGTTGGGATCTGATCACTCAC  
CGCACACGCTGAGCCCTGTCAACCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCACC  
CCCAGCATGCAGGCTTCTGGAAAGTCCCACGGAACCTGGAAGAGCCCACAC  
TTATATAAAACAGACATTGAAAAAAACTTTCTTACAGAAATGATC  
TCCCTGTGAAAGAGCCCCCTCCACCAACCTGCTACGTAGAGCAGAAGTTG  
ATGGCTGCTTGGTCTTGAGAATTGGGGTCCCCGGACCCCTCCATT  
GGTCCCCTGCTGTGATGAGCAGAAGTTGATGCCTGTTGTTCTCC  
AGTTCGGGGTCCCCTGGACCCCTCCAGTGGCTCCAGTGGTCCCAGC  
TGGGAAGGAGGTGGCACAGAGGGTGACAGCAGCAGGGAGCATGGGATGG  
GCTCCCGCTGGAGGTCAAGATGGACACAGGGACATCACCTCCACCGGTGGT  
TCTGGAGGTGGAGGCCCTGCAGGCTCCATAGAGCATGGGTGGAAGC  
TGAGCAGCCCCCAGGCTTGTGAGCCGAGCCAGTGTGGGCGAGCCGGT  
GCTGGGAGGGCGGGATGTCTGCAGCCCTCATGCCACGTGGATGCAGGGT  
GCGTTTGCCACCATTCAATTCCATTCTCACATTGGGCTTCCGATCTG  
GGCTGATTTGCTCAAACACCACACCTCTGGCATTCCCAGGCTTCC  
TTCTCCCCCACCCTCTTACTCCCCCATACAAGCCAGGGTGGACCCA  
GAACCCAAACCAGCATTGCTGGTGGTCTCA

FIGURE 10

SUITE 29

CCGGCATCACCGCGCCACAGGTGCGGTTGCTGGCGCCTATATCGCCGAC  
 ATCACCGATGGGAAAGATCGGGCTGCCACTCAGGCTCATGAGCGCTTG  
 TTTCGGGTGGGTATGGTGGCAGGCCCCGTGGCCGGGGACTGTTGGCG  
 CCATCTCCTGCATGCACCATTCTGCAGCGGGTGCCTCAACGGCCTC  
 AACCTACTACTGGGCTGCTTCTTAATGCAGGAGTCGCATAAGGGCATCG  
 TCGACGGGATCACGTTGTGTCCTGAAGCTCTCCTGTACCCAAACACAAA  
 GGTGATGTCCCCAGCATCCCTATCCAGCACTCTGGGGACTCCTATTGA  
 ATTCCCTCTGGGCTGCTGCCTCTTCCCGTCCAGAGATCCAAA  
 AGGTTAACGACACCTTGGGTCAAGTGTCAAGATTGTCAGTGCAGTTGG  
 GGTATCAGTGGCAAATTGAGACCTTTACCCATCTTGACCACTCTGG  
 TTCCCCAGTCTTATGGTTAGATGGAGTAAAAGGTTATATGTCATAA  
 AGTTCTCTGTGTCTGGTTATCGCTGCTCTGGATGCCAGGATCATGGG  
 GATAAGGGAAAACAATGGGTCTCTTATGCGTAGAGATGCAATCAGATG  
 GGGAGAAAAAGAAAATCTTAATCTTCTGATCCATCTGACAGATATTAGT  
 ACAGCCCTGAGGATGTGGAAATAATCTGAAGAGTTGTTGGCAGTTCC  
 AAGGATTGGAATGACTAAATCCCATTCTGGTGTCTGCACAAAGTTGGC  
 TGTGTTGAAACCCAGAAAGATCCATGCAAGTGGGTCACTCCGTAAAGCAT  
 TGTGTTCTGCTGCTGCTAGGGAGAGAAAAGACACAGAGGGAAAATTAA  
 GTGTTTATTGTTAATTGTTACACTCTGAGGTTCAAAATACCAATCT  
 TTAACGAGAGCGGACCACTTGATTGAGGGTGCACATCTCAGATGGGAC  
 AACTGTACCTGATCAGGCAAACCTGGGGAAATTGCTTCTGCCACTC  
 TTTGGTGGGATTTCCTTGCACCACTTCTACATTCTAATCAC  
 CCATTGCGCACTTCTCCCCCTTTGCCCCATTCTCTGCTCA  
 GCACTTCTTAACAATAATAATAAATCAATATCATCAATATGATTCTA  
 TGCCAAATAGATTAAATGGGATGAAAGACACATAAAAACCAAGTCCTCAT  
 TTCATCTGCTTCCCATGGATGGTGGGAGGTGGCTGTCCTGAGGCT  
 GTAGGATGTGGGTCTCCCTTGTCTGCTCAGGGACACAGCCTCAGCT  
 TGGACCTGACCCCTACCACCCACGCCACGGACGGACCCCTCTCCCAGAG  
 AAGGATGCATGGGAAAAAAACAAGATGAGCCCCCTTCATCAGCATCAA  
 AAATGCCACCGTCCCCCTCCAGCGTAGTCCAAGTGGACGCTGACCTCTGG FIGURE 10  
 GCACCCAGCGCAGAGCTAACAGGGTCACTTGTGGGTGGTGAAGTGGCGG  
 ACCTGTCCCCCCCATTCTCACCCCCCTTGGGACAGAG  
 GCTGAGTTGACCCCTCCGAGGGATGGATTCTCGGGCACACCGATGGCC  
 AGTCCCCTCATCCCCCACTTCCACCTCCAGCAGTGGCCGGCAGAG  
 AAGCTTGGTGGCCAAAACAAGGGCAGTAGGGCAATCTTGGGTT  
 ATCAGGAAGGTCTGTTGCTCTTCCACGTTCACACTCTTGGTCTT  
 CGGAGAGGATGAGGTCAAGGGTGGAGGGTCTGGGACCGTCCC  
 GCTGTGGGTGGAGAGGATGAGGAGTGTAGGTTGGTCTCGGTGCTG  
 AGGCCATGAGGATGGGAGAGCTGGATCTCCAGCAGTAAAGGAGTTGGA  
 TGTGCTCTAGATGGCCCACCTGAGTAGGGTTGTAGGGTGGGACCGTCCC  
 TTCCAACCTCAGCCATTCTGTGGGGCATGGGTGGCATCGGAAGGGTAA  
 AAAGTACCAAAGAAGAAAGTAAAAGGTGAGAGGGTGGAAACCCCTCTCAT  
 GTGCCCGTGTATATGACAATAAAAGTGTGTTGAGCCCCAGAATGCCA  
 GAAATAAAGGCCTTCTGCAGACCTCTGTTCCATTGGTCAAAGAAATG  
 GTGAGGGAAATAAAATGGAAGGAAGGAGATCTATGGGATATTACCTGCA  
 AAGTCTGCAGTGTCTCATCTCAGACCAACCGGACCAAGTTCAGCCAAC  
 CCCATGGTTAAAAACAGAGCTGAAATCTGAAGGCAGGGATAATGAATG  
 AGTTCAACCCGTCACCATTGTTATGGGAAATGGATATTATCAAG  
 GCGAGGGATCTGCCCTGGGCATCATCCAAATTACAGCCAGACTGGC  
 CTGCAGGGTGAAGAAAATTGTTGGCTGCCCTGATTTGTGTT  
 CCCTCGGCATCTATTGTCATTGGTACAGCCTATGGTCCAGGCG  
 CGCCTCCATCTAACAGGAATGCGGCTTAGGTTCTCATGCTCAGAAAA  
 GGCACTTTAGGAAAGGTGAAGCTGGAGGGTGCAGAGCCGGAGAGCAGC  
 CGTCCTCACCCCTGAGCACTCTCAGGAATTACAGCAAACGTGTAAT  
 TAAGAGTGGCAAACGGGGTATCGAGTCCTCGGGTCTCAATTATTCCT

FIGURE 10  
SUITE 30

FEUILLE DE REMplacement (REGLE 26)

68/110

COSMIDE.txt

GAGTGGGAATAACCGTTGCTTCCATCTCTGCATTATTCTGCTGCA  
GAACGAGTGTGGCTGCTGGTTTCAACAAAATACCAACCATTCCCACC  
CGAAACCCCTCTGAGTACCTGAAGCCTCTCAGGGTTCTCAGAGCA  
CCGTTCCCATGAGGAATGGCACAGCCTCTCCGGCCCTGGAGAAGC  
GCCCGCTGGCAGCTGGAAAGGTCACCTTCCACACCTGGAGGGAAATAAA  
TGCATTTCAAGGTGGTTGATCACAGAGCATGCCATCACTCAGGACAGC  
AGAGGCCAGCACACGGCGGCCATCCCCAAATACCCCTCAGGGCTCGCAG  
TTCCCCTGGAGCAGAAGAGCATTCAATTGATGAGCTTCTCCATGGTC  
ACTGCCTGATGCAAAGCTCACAGAACAGCTTCAAGAGAGGCCACATACC  
TGGTGATGGGGCTTTCACATCCTGGGACAGAAGAGAGGGGGAGAG  
GAAACTCAGGTCACTGCATGACCCATTGTCTTAAAGTATGGAAAATT  
GAGCTGTTGAGTGGGGGTTGGACCTCTGGGTCTCCAACATGTGCCAA  
TTTGACTTTAAGTCATAGAAAAAGTGAATTGTTGACTGGGATGGATC  
TGTTGGGTCTTCAACACATGGTCATTTGTCTTAAATCATAGAAATA  
AAGAATTGTTGACCAGAGATGGACCTCTGGGGTCTCCTCCACGAGGAA  
GGTGAACCAACTGAGGAGCATCCATGCACGGCAATGAATCCTGCAGATCC  
ACCCCACTGCTGCTCTCCAAACCCAGCCGTGGATTCCCTCTTAAACAA  
GACCCCATGAGGACCTCTGCAGTAAGGTAAAATACTGGGAAACTGAG  
ATGAGGATAAAACGGTGGGGGAAAGAGGAGGGCTGCAACCTCCATCTCC  
TCATTGTGGTGGGGTTTCAGGCTGATGGAACGGCATAAAATGGGAGGAA  
AACACCCAAATTAAAGGCACCATGCAATTGGTGGGGTGGGAGGACATCCC  
TAAAGGACTTTCCCTGAAAAAGCTCCCTGGAGGAATTCACTCACCG  
ACTGCTGGCTCTCTCCCTGTGCTTCGTATCCAGCAGGGAAACTCTCC  
TCCGAGTGTGGCGGTGCTTCTGCCTCTCAATCTCATTTCAG  
GTCTTCCAGCTGCCAGAGCAAGAAGGGCTCTGTGTTCTGCCTGGAAT  
CTGAGCCCTCCCTACTGGGGCTCAGCTTCTGATGCAGAAAGTGG  
AAATAAAAGAGCAGTGGGACTGGAAATACCAAGGGGGACTCATGAGTGGCA  
TCCCCCACTGGAGGAGCTCAATGGTGAGCTGGAATCCTGCTAAGTTTA  
TCGAATGTGGGGACAGGAGGAAGAAATCAAACCAAAGTCATGAACA  
GGTGGCTGTGAATTGGGGCAGAAAGCTGAGGGCCCTAAAGCACAGGAG  
GCAAAAGGATGGAGAGAAACGACCCACTGATGACACATCGCTGCCAG  
CAGCTGACACCTACCAGATCCTCCAGGTTGGGACTCCAGGGCGCTCTT  
CTTCCCTGGAGACTTCTCTCCCTCCCTGGAAACCCCTGATATCCCTC  
TGAGTTCTCCCACTGAACCCACAGAACCTGTTGTTCTAGCCCTTG  
ATGGGGTTGGGTTTCCCTCCTGTTCTCCCTGGAGCTCTGGGTAGAGCT  
ATGGGATGGCTGCGTTGAGCCTGAGGTCTGCTCTGGTGGCACCCCTGG  
CAGGGCGTGCTGGAGCTCTGGGTTGTCCTTGCTTCTCCAGTTCC  
TTGTCCGGGGAGATGCTGAACAATGCACTTGCAGATTGTCAGCTT  
CCTTTAGGATCGAGCCATCGGGAGTGGGGTTAGGGGGTGTATATGGGA  
AACCATAGGAAATAGGAAGGAGATGCACAGCCGGATCCTGTTGGGGAT  
GTGGAGGAGCACAAGTGAGGATCTTGGGATTGAGTGCTCTCAGCCC  
AGCACTAACACAGAGCACTCACAGCCCTGGCTCTGAGCTCTGAGGAAAC  
ATTTCAACCATTTCTGCCCACTGTCCTGTTGAGGCCCATGCCAA  
ATACACATGCCTAGAAAATAAGCCATGCATTACATATGATTTAATT  
TGCCTGGCAACCACGTGAGACCCAATGGAGGAGATAACTGCCATTCACTT  
GGGCAGGTTGCAAGGGTGAAGTGCACCTCCAGCAAACCCCTGG  
GAAGAGCCACAGGGATGGGACTCTGGGAGCTGAAGAACTGGAAGCA  
AACTCCCTGCAACCGCTCCCTGGGCACAGAGCCCTTCACTCCAAAATA  
AGGCGTCCATCATTGAGCAAATGAGTCACACCGTTGGCAACGACTTGC  
ATTGCATCCGAAAAGCATTAAATTGCAAGAGCCTGGAAAAGTAGCTGGGCT  
GGAAACATCTGCATTGCAAGATCTATGGAGCAGAATAGACCCCTGAACAGAT  
CCTTCACCCAAATTCCCCAGCAGGTGGGACCAATGGCAGCGATGCGTGG  
GGCTGAGGAAAGATAACCAACACATCAAAGAGCAATTGAAATTTCAGCT  
GTAGGTTGACCTTGGAGGTGGTGGAGGTGGGCTTGTATGGGATACC  
CACTCATATC  
~~REUVE DE REMPLACEMENT (REGIE 26)~~ CCTCCC

FIGURE 10

SUITE 31

69/110

COSMIDE.txt

ACCCTCTTTAGTCCTCTTGGTTCTACAATCACCAACCTGTGTGTA  
 TTTGGTGTGCTGCCTGTTCTCTTGGGCTTCTCAGAAGAAAATGGGTT  
 TTTGAGGGAATCCATTCAAGGTGAGTCCTCACCCCAAGCAGCTCTCTCA  
 CTTTGTGGCCCAAAGCTGACCCAGAGCCATACACCCAAAGCAAACCCAG  
 AGCCGTACACCCATAATGAGGCAGGAAGTGGAGTGTGCAGAGCACATCTT  
 TTAATTAAAATTAACTATCAGAACGTAGGCAGAGACCAGCTCCCCACAC  
 CAGGCCTGCTATTGCAGTGAAGGGCGCATACCTTGAGGACACCC  
 AGATCTGCCCAACGATTGATGTCAAATAGATGCATAAATTCTTCCAAG  
 TCTTCAGTGTCTCTGGTGGTTCCCACCCCTGCAGAGGGACCGCCCCGG  
 GGCTCCCAATGGGACAGACACAGGGCAGAGCAGCGGGTCCCCTGGCAC  
 ATTGCTCCAAGCAACCACAGCACACATCCCCTCAGATGCCCTTCTATAA  
 AGGACATCTCAAGGACAGATCTTAGGGAGATCTAAACCCAAACCAATC  
 CAAATGGGACATCAGCTGCCCACTCGTGGACTGCTCCTTGAGGGGGAT  
 TTTGGGTGATCTCTTGCAAGCGAGCCCCCAGCCCTATCTGAACAAGGGG  
 AGGACCTCTCCCCATTGAACAAAGCCCTGGTGTACACCAAGATGGGGGT  
 GTCATCATCCGAGCTGAAGAATGCCACCCGACCCCTTCTAGTCCAGGG  
 AGACCCGAATCTCCTGGGAAGTGCATTCAAGCTAGGTGGCACGGGA  
 GACGTGAGGGAGTGGTAGGCCTCCAGCGCCAGACACCCCTTTGGGCT  
 GAAGCTCATGGGTCCTCTTCTCATCGAAGCCCAGGGCACCCCCAGGG  
 CCCACACCCCCCTGTCCCACCTCCACCTCCCAGAAATGCCCTCCGAG  
 GTGAAGCCCTGGCAGCCAAACAGCAGGGCTGAAGCTGAACCTCTCGGG  
 GTTCTCGGGGAGGTCCTGTGGCACCAAGTTGGCCCCGGGCTTGTTCGGT  
 CTTCAGAGAGATGGAGGTTGGGTGAGCGGTGGGGTCCATGGTGACG  
 TTGGCTGTGGGACATGAGGGGAATGGAGGTAGGATTAGGCTTGGGGGG  
 AGCTGGAGAGGGTTCTCTGTCTCTGGCTTTCTCTGGTGCTTTTGG  
 CATTGGCTGGTGGTGGTGGGTGATGGTTGGCTGGGTGATCTTGG  
 GGTCTTTCAACCTTGTGATTCTATGGGGTGTGTGGGCTCCACCAGC  
 CTCAGTGTCCCCCAGTAGAGATGTAGGAGAATGGGAGAGGACAAATT  
 AGGGCAGCATAATGGGGAGGGACAAAGACATGGGAGGGACAGCTTGA  
 CATTCAAGGAGGGGAAGGGGAAGCACAACACTGTTAGGTTTGCTTGA  
 ATCTGTTACTGGCTTGTAGGACCAACAGCATCAGGATGCTGCCATT  
 CCCTCCCTCCCTGTGGACTGCGTTGTTTCTCAAGAAAACACTCC  
 CCACCCCCACATCCACCACTGTCGACATACCTGGCTCTGCAATTGAAACA  
 TCAGGCTGCTGAAAAGGAGAACAAATTCACTGCATTGGTTATGCTTC  
 AGGAAAAGGGCTGGGAGATGGGAAGGGAAACCATGGGGCTGGGGC  
 TTCGCAGTGCAAAGCTCTGGTTACTGCAAGAGCCCCACGACCCCTCCC  
 AGACCTGGAGGAGACCCGACCCGACCCATTCACTGACCTTCTGCAGC  
 GTCAGTCTCACAGGACGTTCTGTGAAGGAAGTCTCCAAACCTTCTTC  
 CAGAGTGGGGAAATCTCTGTGGAGGGCTGAACCTCATCTCACAGC  
 TGCAAAGAGAGGAGAAGGGGGATGGGGACTGTTGCGTTGGTGG  
 TGGCTGTTCAATTCTCAATAGGAGAACATGGGTGAGGATATT  
 GCACAGGGACGAAATCCCTTCCCCCTGGGATCCCTGCGCTGAGCC  
 CTCCCCCAGGGTGCATCCAAAATCAGGGTGACAATAGGAAGGAGCCAT  
 GTTACCTATTCAAGAGCCTCTGATGTCCTAAAGGTGGGAGAGAGGA  
 GAGATGGATCAGAAGAGGAGACCAAGGGCTGCCCTCGTATGGCAATG  
 CACAGCAAAGACCAACCCCTGCCACGGTGTATCCCCCAGCAGCAACAC  
 AGGGAGCTCCCATGGGGTTGAGTTGGGTTCTCAGGGTTGCTCTGCCC  
 CCCATTCCCACCAACCCCTTGGGTTCTCACCGCAGGAATTGCTGTCG  
 GGCTGCTGGAATTGCCCCTCCATCTCCAGATCAGGGTGTCAAGGTGGG  
 CATCTCCTCCATCACCTCGTCACCGCATCCTCTGTACTTTGGTGACGG  
 CTCTGTCAGGTCTGCCAGCTGGACCAGCAGGAAGCGCTCTTCTCC  
 AGAAATCGCTGCAACTGCTCGAATTCAACACTATCCTCTCCCT  
 CTTGGTTTCTCTGTTGGGAGAGGGAGAAAGCCAATGGGGTGGAAATAG  
 AGGCAGGAAGACCCCCCTGGGGTCTCAGGATGCCGTGTTCTGGGGATA  
 TCCAACCAAAACCAACGGGAGTAAACACCAATGCCAATGGGAGCACAAC

FIGURE 10

SUITE 32

70/110  
COSMIDE.txt

ACTAATGCCAATGGGAATTATCACCAAGTCCAATGGAACGTAACAACA  
GCGCCAATGGGAACGTAACACCACTGCCAGTGGGAATTATCACCAAGTGC  
CAATGGGAACCTAACATCAAAAAGCCAAGATCATCTGCTGGCATTG  
GGAGCAGCAGGAATTTCAGGAGTTATCCCAAAGCAAACCAAAGG  
AGGGGGTAGGAGATGAGCTCTGTATGAGGGATATTACAGAGTTAGGAG  
GATCTGCTACGTTATCTCTTAACACAGGGGTTCTCGCTAACCCAGCT  
GATAAACACAGCCTTAGCGCTTCCCAGCCCAGCTCGAGCCAAAATGC  
ATGATCTGCCCAAACACACCAAAACAGGACAGGGCGGAGGGGA  
AGGCAGACACCTCCCCCTGCTGCACCCACCAAATACAAGCCGTCCTTCCA  
CCAGTCCTCTGCTTCCAGGTACTTTCCCTCTCCCTTGAAGCCTG  
GAGGCAGCCCTGAATTCTTCTGTGCCAAAAGAAGAAAGGCAGGAAAGCC  
TGTTTCCCACTTAACTGCTCTGTCAAGATGGGAGAGGCTTGTCAAAG  
CCTGGAATCCCTGCAAGGTGCAGAGCTGGCAGAGGGAAAGCTCTGTGAG  
CACGGTGTGCTGCTGGAGCTGTGCAAGCTGGGAGTATTTGAGAG  
AGAAAAGAGGGAGAAGGAAAGGAAACACGAACCTGCTGCAAACGTAG  
AGAAAACGCTGCAAAGAGCAACAAAAATCAGCACTGACAGCTGCGC  
AAGGAGGTGTGGAAGGGCAAGATAAGCACTTGGTGAGATTCCCTATAA  
ACACCCAAAACGGCGCCCTGGGTGTGTTCTGTATTTAAGAGCCCTC  
AGTGGAAATGGTTTTCAGGGCTGTGGTCAAGAGCAAAGCATCAAAGGA  
AGGAGAGGGCAGTAATGTTGCAAAGGGCTGACGGCGGTGGTGCAGAG  
GGAGGATGGGGGGGATGCGCAAGCAAAGGGTGTGCGTGGTACCCGC  
AGGGATGCACTGCGCCCTGGCTCCGGGTTTGGGACCGTACCTGTACT  
CCTGGGCCGCTGGTGGCAGGGACAGCGTGGGAGCGGGTGCCTGG  
GACCGTGCACGCGCAGATAGGCTTGGTCTGTGCAAGAG  
CTTCAGAGCTCGCGGTGCTGCTGCACCAACCGAGGAATGCAAACCTCA  
GCTGCCGGCGATGCTGGCATAATTGCCAGCTCTGCTGGGCGGAAA  
TTTTGTGCAACGCCGTTTCTGCACTGCGACAGGGAAATTCCCTC  
CAGCCCTTCCCAGCAGCGGGGATGCACTCCCGCAGAAGTTGTGGCCGC  
AGGGGATGGAGACGGGATCTGGAAGTAACCCAGGCAGATGGAGCAGGAG  
GCTTCGCTCTGCAAGGCTGTCCAAGGGCTCTGCGTGGCATGGCTTCC  
GCTGGGCTCCGATCCGAGAGGAATAGGGACCTTCTCCTTATCTCC  
TCGCTGATAGGAGAAATCCGGCCCGGAGGCTGAGCCTGAGCCAACAGG  
GCTGGGAGAGCTAGCCCATAAGGGATGCTGGTGGGAGGGCAGCTC  
GCGGCTCCCCAGCACGGAGTCACCAAACGGGAGGCTGAGCCAACAGG  
GGAGGAAAAGTCAGATTTGCTCTCCTCGAGCAGCAAAGAGGGCAGGG  
GAGGCAGATTTCCCTCTGTCGATCACTGTAAGGAATTCCAAGAAA  
ACGCATGGAGGTCTGCTTGGGATGGAATATAGACGTATATTGGATA  
AATACAGGAAGACGTTGGAACATGGGAAGGCACTGAGATATAAGCGTGT  
GTGTTGGATATGACTCTGCTGACTAAAGTGAAGGTGGTTAAATAGCAC  
TGCTCAGAGCCAGGCGGGTTTGGTGTGTTGGGGGAAATTACGTGGT  
TTGGAATTGGAAATATGAGACGGAAAATAAGAATAATGGAAGCGCCA  
ACGTGGGCTCGAACCCACGACCCCTGAGATTAAGAGTCTCATGCTCTACC  
GACTGAGCTAGCCGGGCTGATGGGCACGCACCCCTCTAAGCAATACTTCA  
TGGTGATCTGCGGAGGGTGTAAATAATTCTACCTAATTATTTGTAA  
TTATCCCGTAATTATGGGTTCTGAGCAATCGCAATCCACGGGAAAGAG  
CTGCATGGGAAAAGCACCTATCCCTACGGGAAAGCCGGGAAACTGCC  
GGCAGTGTGCAAGGGCGGGGAAAGAGGGAAAAGCAGGAAAAAATGGG  
CAAATGGAACGTTAAAAGTGGAGAAAATAACAGTGAAGGGAAATGCAGG  
AAGCGTAAAAGTAAAGGCTGTTCTGCCCCGGTTGAAACCGGGGACCT  
TTCGCGTGTGAGGCAGACGTGATAACCACTACACTACAGAAACGCGCTGA  
AGGCCGCTCGCCGACGGAGATGTGAAGGGCGAATGCCGGGCTCGGT  
GGCAGTGTGCAAGATAGGGCGCTCCGGGCGCTCCCGCGCCGGTCCG  
GTGAGCAGAGTGCAGCGGGTGAACAAATGAAGGGAAAATGTAAAATC  
GATGCTCCCGAATCGAGGCTGAAACGCCATTGTCGACTGACAGCCGCG  
CGCTCTACCGAOPUSILEADERREPLACEMENT (REBET26) CGCCC

FIGURE 10

SUITE 33

CCGTAGAGCGCCACCCCGTTGCCTAGTGACAGGAGCGCCGCTTCCGGTC  
 AAGTGATGAGCGGAGGGGGCGTGGCTTGTGTCAGATAGGACGGAAGTCC  
 GGTCAAGGTGGTACTGGAAAGGGGGCGTGGCTTGCAGAAAGGGACGGAA  
 AGCGGAAGTGCTGCCGTTGGCAGTTGCACCATAGAAGAACGAC  
 GGCAGGCGGTGGGAGGGCGGGAGGTAGAGCGGTCCCCGGGAGAGTGCTGA  
 GGGGAGCGCGAGGGCCGAGGGAGGGAGCGGAGCTTACGGGGAGTGCGGGAG  
 CCTCGAGGCGGGTCCCAGCGCTTCGCTGTGGGGCAGGAGAAAGGCTTCGG  
 GGCAGGAGGAAGAGGGCCTCGGGGCTCCCCATGGAGGCAGTGGCGACG  
 ATGGGGCGTCGTGGGGCGCTGAACCCGGTGGAGACGCTGCAGGAGGAG  
 GCGATCTGCACATCTGCCTGGACTACTTCGTTGGAGCCGGTGTGATCGG  
 CTGCGGGCACAACCTCTGCCGGTGTGCATCGCGCAGCTGTGGGGTGGAG  
 GAGAGGCTGAGGTGGAGGAAGCAGCGGGGGCCGCGCTTGGAGGAGGAA  
 GAGGAAGAGCTGGAGGAAGAGGAGGAAGATGAGCTGGGGAGGAAGAGCT  
 GGACGTGGAGCAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGGAGGCAGGGAGGAGGAGG  
 AGGAGGACGACATGTGGAGCGAGGAGGAAGAGGATGGAGAGCTGTGGGAA  
 GGTACTGGGGGTGGTTGGGCCTGCCCTGTTGAGTGTCTTATGGATGA  
 GTGAGGGAAATTGGGTGCACCTCAGTCAGTTGCAGATGATGCTAACCTG  
 GGGGGGTGTACTGATCTGCCTGAGGGTAGGACGCCCTACGGTGGGGTCT  
 GGACTGGGCCGATGGCTGAGGGCAATGGGGTGGAGTCAGAAGGACCG  
 AGTGCCTGGTCTGCACTGAGGTACAACACCCATGCAGCTCACCTG  
 GGGTAGAGCGCTGAAAGCTGTGAGGGAAAAGGATTGGGGTGAATA  
 TGAGCCAGCAAGAGGCCAAGAAGGCCATGGCATTCTGGCTTGTATCAGA  
 AATAGAGCAGCTAGTGGAGCAGGAAGTGACTGCACTCTGACTGGCAC  
 ACCTCAATGCTGCACCCAGTTCTGGTCCCTCACTACAAGAAAGACA  
 TTGAGGCCAGTGGAGGATGGTGGGGTTGGACTCAATGATCCCTGAGGTT  
 TTTCCAACCTTGATGATTCTGTGATTCTCAGACCCCTGGAAGAGGAGC  
 TGTGGATGGAGTGGTGCAGGGAGAACTCTACTTTGGGACGATGATTAT  
 GATGAGGATGTGATGGAGGAGGATGTGGAGGAAGAGGAGGAGGAGGAGG  
 TGAAGCGCAGGCCCTCCGCCCTGCTCTGCCGCCCTGCCGCC  
 TGCAGACCTTCACCTGCCCTCAGTGCAGAAACCTTTCCAGAGGAAT  
 TTCAGACCAACCTCCAGTTGGCAACATGGTGCAGATCATCCGGCAGCT  
 CCACCCGCACCGCAGCGCCTCGGCCGCCGCCCTCAGCCTCAG  
 GGGGTCTGGGGAAACCCAGGGATCTGGTGGCAACAGGAGGTCGGGG  
 TGTCCGAATCTGTGCGAGAACGACCAAGGAACCCCTGAAGCTGTTCTGT  
 GGTGGATGAGCAGGCAGTCTGCGTGGTGTGCAGGGAGTCACGGAGCCACA  
 AGCATCACAGTGTGCCCCCTGGAGGAAGTCGTGCAGGATTATAAGGTG  
 GAGTTGGGAAGGGTCACGGTGGATAGTGGGTGAGGTGGGGTTGGGG  
 AAGGGCTGTGGTGGAGAAGGCAGGGTTGAGGAAGAGTTATGGGAGAGT  
 GGAGGCTGAAGGGAAAGTGAGGTTGGATCAAGCTAGGTTCTGCTTGCT  
 GAGCTGGTTGGGTTGGAGGCAGGGCTGGGAGGCTGGAAACACACACTGCAAT  
 GAGGAGGTGGAAGGGTCTGGGTACCCATTCTGCTTAAACACCTTCC  
 CAGCACAGTTCTCAGAGAAAGCAAAGGGAAAGTGGCGTGAAGTTGGCT  
 CTGAGGTTCCGTTTCAGCTCTGCCACCAATTAGGGACAAAAAGAGGCG  
 ATGACAGAGGGATTGCCCAAGGCAGGGTTGCTGAGTTGTGTTCCCTC  
 CCTCAGTACAAACTCCAGGCCATTGGAGCCACTGAAGAAGAAGCTGGA  
 CGCGGTGCTGAAGCAGAAGTCGAATGAGCAGGAGAAGATCACAGAGCTGA  
 GGGTAAGAGCTGAAGGTTCTGTGCTCATAGAATCATACAGGAGAACCA  
 TCAGGGTGGAAAGAGACCACAAAGATCATCAGTTCAACCATCACCGCTG  
 CTGGGAGTGTGCCTGGTGGCTGAGCAAGGAGAGAGAACCTTGCTGCTG  
 CTCTGAGCTCTCACGGAGGCATCATATTCCCTTCTGCAATTATTGGGC  
 TGTGAGGGCTTGGAAACGGTTCCAGTGAATTAGAGCTTAATGAGAGC  
 TTTGTGTCCTCAGTGTGAGTGGGATTGGTGGTTGGAGCTGGTATT  
 CCTCATTGAGTTGAGGATGCTACATCTAAACCTGTCAGACTTGC  
 CTCAGTTCTGTCTGGTGCATTCAAGGAGATGCGTAAGCTTATGGTGT  
 GGTGAAACTGAGAGAAGCATAGCACAGCAGCCAAAAATGAGCTGATCTC

FEUILLE DE REMplacement (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 34

TCACCTCCCCCTCTGCAGCAATTCCCTAATGCTTTCTCCCTGCA  
 GGAAAAGATGAAGCTGGAAATCAAGGAATTGAGTCTGATTTGAGCTGC  
 TCCACCAGTCCTCATTGGGAGCACGTGCTGCTGCACCCAGCTGGAG  
 GAGCGCTACGAGAGCCTGCTGGCCGGCAGAGCAGCAACATCAGCCAGCT  
 GGAGGAGCAGAGTGCAGCCCTAGCCGCTTACAGGAGGCAGAAAGATA  
 AGAGCAAGCAGGGCTACAGCTGCTCAAGGTCTTCCATCCCTT  
 CCTTGTCTTATGGCAAAGCGATAGCACGATGGGGAAATAATGCTCCAG  
 AAAGCTTCTGTGTATGAGAGAGTGCTTTAGTTGGTGGGCTGGGTGCTT  
 CTCCACCCCTCCTGTGGGGTTTGGAGGGAAATGCCGGGGGGGGGG  
 GGGGGGGGGATATGCCCTGAGAGATTAGGGCTGTTGGTAAGGAAAG  
 CCTCCAGCAATGTGTGGCTGTGTTGTTCTGTGGGGAAAGGGAAATC  
 ATCCAGGCTCAGTGCTGAGTTGTGGCTGATAAGAGGATTATTGGGAGCA  
 ACGGTGGGATTGGTATCAGTCATCCCTAATCCTTCTCTTCCCAC  
 CTTGCTGCTCCTCCACAGGACATCAAGGGCACTTTATCAGGTCA  
 GACTTTGTTGCATCTTCACTTGATAACTTTCTTTAAATGT  
 CAAAAAAGCATTTGAGCTTTGTTAAATCCTGTGTGATGGGTACAGTT  
 GGGGCTGGTAATGCAGGGAAAGCTGTGCTCTAACTTTGGGTGATGGA  
 AACTCTGGCTGATGGGTGCAAATGGGATCTGGGAAACAACGGGAA  
 AGACTTGGGAACTTGGGAAACAACCTCTGGGCAATTGGGAAAGGGGAAAG  
 GGTGGGAGGAGATCTGGGCTGATTCTGGAAAGCGTGGGTGTGCCAT  
 GCAGACCTCATGCTATAGCAGGAAACTCCTCACTCTGGAGAAACGATTCTCC  
 CCATCCTGTCAGACAAATGGGAGCGCTGGGAGTCTCAGCCATGCTGGA  
 CGCACGTGGCTCTACCCAGCTCTGCTCTGCTGAGGGAGGGTGGGG  
 AGGCTGGCTGCACCAGTGCAACCAGTTGGCCGATCCATGCGTTGCTCTG  
 GTTTTCCAGAGCTGCATGCAAGGGCTCACTCTTCTGCTGCTGAA  
 ATTCTGCTTCCCTCTTCCCCCAGGGAAAGATGTGAGAACATC  
 AAATTCCAGGAGGCCGAGATGGTGTGGAGAAGGGAAAGAAATACCG  
 CAACTATTCTGCAGGATGTGGTGTGAGAAAGATGGGAAAGCCTCA  
 GCAAAGTTCCACAGGGTGAGAGAGTCTCTTCTACGTGGATGGG  
 TTCCCTCCACTTGGGATGGGATTCTCCAGCTCTTGGGTTCTCCTTC  
 CATCTGCTCTGCTCCATGGTTGAGCCTGATGATCCTTGTAGAAAAGCA  
 GCATCCCTCTGTTCTCTGCTTCCCTAGAAACTGGGTTGATGGGATCTGGATT  
 TCCCTATTGAGCTCTCCATAGAAACTGGGTTGATGGGATCTGGATT  
 CATTATAAAGGAGGGATGACTGCCTCAAACCTCAGCATGGTGCAGATACGC  
 AACCAAGGAGGATTAGGACTGGGGTGCAGGGGGAAAGTGCCAGG  
 TGACCCCTAACGACCCCGCTCTGCCCTCCAGCTGACATCAC  
 GCTGGACCCGGACACCGCTCACCCCTGCCCTAGCCTCTGCCAGGCC  
 GCAGCGTTAAGCTGGAGAACGACGCCAGGAGCTCCCAACAACCCAAA  
 CGCTTCGACTCCGATTACTGCTCTGGCTCCAGGGTTCAACACAGG  
 CCGTCACTACTGGGAGGTTAGAAGTGGGGCAAGAAAGGGTGGGGTGG  
 GGGCTGCACGCGAGACGGCTCGACGCAAAGAAAACATGGGCTCAT  
 CAAAAAAGGGAGATCTGGTGTGTTGGCACCAATGGGAAAGTACCAAGC  
 GCTGAGAGCATGACCCACATCCACACCTCAACGCTCCCTCAGGAGCG  
 CATCTTCCCTTTCCGAATCCTGGCTAAGGGCACTCGTATCAAATCT  
 GCACCTGATGGCCCTCCAGCTCTGATTTTTTCCCTTTCCCCC  
 TGCCTCATCTTGGTCCACTTGGGACCAAGACGCTGCACCTGTTGTC  
 TCGCACCTGCTGCTCACAGGCCTTCCCTCTCTCTGCTCCAGC  
 CTCTGCTCCACGTCCAACTCTCTCCGGGGTCCGATCCAGGCTGGTT  
 GGTTTGGAGAAGGGATCCAATCTCCTGCTGGAGGTTTCCCTCAGCTC  
 TTGGTGTATGGCTCCCTGCTGCTTCCAGTCCTCGCAGCAGCTTC  
 CAGTGTGCTCTTGGATGCAAGAGCTCGAGCTGAGGATGCTGGGTCTGTA  
 GTTGCCTCTTGGATGCAAGAGCTCGAGCTGAGGATGCTGGGTCTGTA  
 CATTGTGACACGAGCACTGCTGTGCCCTTGGCATTGCTTCTGAAA

FIGURE 10

SUITE 35

73/110  
COSMIDE.txt

GTCACTCAGATGCACCAAGGAGCCTCATTCTTTTATTTTCAGTTCTG  
 GGGCACACAACCCCTCTGCCACCTCCCACCCAGCCACCATCTGGACCTCAAA  
 CCTTCCACGTTCTCCTATTCTGCCACTTGTCCACCTTCCCTTGTCT  
 TCTTCCCCCTCTGGGGTCTCCAGCTCTCCCTCTGCCCATCTCCCTC  
 GCCAACCAATTCTGTGGGCTGGCACTTATTAGGGCCACGTAGGCCG  
 GGGAGGGTGCACAAATTGGGCAACTTCCACCTCTGAGGCTGCTCAGAGT  
 GCAGCATCGCACCAGGCCGACCGGTGGGAAGCAGCCTGTGTTCCCTTG  
 CAGCTTAAGAGCTCTGAGGTGGGGTATTATTCTCTCCCTTTC  
 TCAGCTGCTGTTGAATTCCAGCTGAATCCTGTCCACAGAGAGACTCT  
 GATTGCACCCCTGTTGTTACTCTTTGTTGGTGGATTGGTATT  
 TTTTCTGTTGGCGTTACAGAGCTAGTTCAAAATATTGGCTAAAAT  
 AAGAATTAAATGGAGATCTAGTTTTGAAATGTCAGAAATAATAATAA  
 TAATAATAAAGAATAAAGAATAAAGTTAAAGCTGAGCCTCTCCCTTAT  
 TGAGAGCCCCCAGGGGACAGGGAGTTGTTGAGCCTGAGGCCCCCAGTCTGCTG  
 TTAACTCCTGCTGGTAAGATGTGACTTAAGCCTGAGCCTGTTAAC  
 CTTAATTAGCAGTAATTGGATGGCTGCTCCCTCAGCAGCTGTAA  
 AGGGATAGAGGCTGCTGGGTGAAGTGGACTGAGCTCTGTTAC  
 CTCTCCCCACATGTTTGGTGGTGGTGGCTTCTTTGGCCACGGC  
 TCTATCTCCCCAGGTGTGACTCACTGTGGGCTGCTACTGCTCTGAAAG  
 GGCTCAGGGAGACATTGAGTCCTCGTCCACACGTGGGAGGAGCAC  
 TGATGTCCCCATCCTAAAGTTGAGTCCTCGTCCACACGTGGGAAATCCAG  
 AATGGGATATAATGCAGCCATGAGCTAACAGAGCCTCTTATTGAGT  
 TTTGTGGATAAAATCTGTGTTGTTACACACATCCTCATCTGGTTCCAAT  
 GGTGACTTGCCACACCGGACGAGGTTACTGTGAGCCAGCAAACAGCG  
 TCTGGGAGAGAAATGGAGGAAGTGGATCATGAAAAGATAGGAATCAGCC  
 CTGGTGTGAACTAAAAATCTCAGAAGGCAGCTCCAAAGCGGAGGTGC  
 TGGAGGAAGGTGGGAGTTAAGGCTGCAGGGAGCAGTGGAAAGGAA  
 AGGAGAAGGGATATTCTACCTGCCACTGAGACCACGCCAGAGAGG  
 TACACTGGGAGGCTCAGCTTGCTGCTGGTGTGATCACCTCCTGCTTC  
 AGCTCATCCACAATGATTGCTTCCAGGTCTGTGAGGACAGAAGAG  
 AGCGTGAGGGACTAAGGTCTGCAGGGAGACTGCTGTAGCCAAACCCAAAC  
 CATTCCAACTCAGAACAGGCTCAGGGTGTCAAGAACAGCCTCTGGGTTT  
 CCGCACAGGGATGCAGTCAGATGGCATCGAAGTTCATCACAGCAGAGTG  
 GTGGCTGTCCCCACACCACCCCTCCAGTCCAGGGGATGACAGTGCCACC  
 AGCATGACCCATCCCACGTAACAAAAGGGCTCTGCACCAAGGCATCTGT  
 GGGCAGGGCGAGGATTGACCCACAACCTGCTCCAAACCCACAGGAT  
 AAGGGAAAGTGAATTCTTAGGAGGTAATAGGGATGTCACTACACCCAGATC  
 TTGATGCTGGGCGGGTGGCAGCGCAGAGCCAGTAGCGGTTGGGCTGAA  
 GCACAGCGCATTGATGATGTCCTCCATCCAGCGTGTACAGGTGCTTC  
 CTTCATTCAGGTCCCACGATGGCTGGCGCTGGGGCAGCAAAG  
 AGGAATCACAGCAAACCATCAAACCTGTGGCTTGTCCAGTTGTCCATC  
 TAAAACCTTCAGCTGGAAACAGCACTTGATTTGTGACTGAGATGTGG  
 TGAGTTGCCACAGGACAGCAAGAGGCACATAACTGAGCTGTGAGAACAAAC  
 AGAATAAGCTGCAATTGGCTCAGCTTCCCCCAGGGTGTACCTGCT  
 CCAGAACAGAGGGAGCCATCAGGGGAGACAGTCAGTGTGTTAGCAGATA  
 TCCCGTGTGGCGATGTGGTTGTCTCAGTTGAGTTAGCCAAGTTCC  
 AACCTAAATGAGGGTAAACGTGACAGGCTCAGAAATATGGAGGAGAAA  
 AAAACAACCCCTCATGATCACTGCTCAAATATTCCCCAGAACAGCCGAC  
 AAACCCAAAGGGAGCTGCTCCTCTCACCTCACCAGCTGTCCAGGCCAC  
 AGGAGACAATGATGGGTTGCTGCTGTTGGGGAGAAGCGCACACAGGAA  
 ACCCAACTCAGAGTGGCTCTCGTCTGAGGAGAGGAACAGCATTGGTTGA  
 AAGCAATGAAAGCATCCCCAGTCCGAGCTGCTGCATCCCACGTCTCCCT  
 GAGCCCTCATATTGAGGACGTGCTCAGACCCCCCCCCAGAAAGAAA  
 GGTCAAGCAGGCACTGTGTCACCTCTAATCATTAGGAGGGAGCTGGGAGAT  
 GTGGATTACGGAFENLINE FOR REPLACEMENT REGIE 26 TACGG

FIGURE 10

SUITE 36

74/110  
COSMIDE.txt

ACTCAGAAACAAGCAGAAAGAGGTTATTTCACAGTGTGGAAACTCAGA  
 TCCGTTGCCTCACCTGCACCGTGTATTCAGACACCCAAAGTGTCCAG  
 AGTTTGTGGTTTGTCCCTGGAGCCGAAACGATCTGGCGTTGTCGA  
 GGAGAAGGCAGCCTCAGCACATCCTGGTGTGGCAACAAAGCGGCGGG  
 TGGTGGTCTCTGCAGGGACACCAGGAGGGTGCACGGGAGGGACAAAG  
 CTCAGCAAACCCCCATTAATTAAACCCCTCCCTAAATTGAGGAGAT  
 CGTGCTGCAGTGCATAAATTCTTAATGAACACAACTGATGGAAGCAGGAA  
 GGAAGCTAAAACGGAGTCATCTCACATGGGTTGAGGGAGTGGTGGTCT  
 TCCCTCCTCCGAACAGGAACAAAAGGGTGCACAGCTTTGATATAGGG  
 TTGGAATAATCATGAGGGAGTTAGGATATAAAACTCAGCTCCGTGGACA  
 CACAGCAGCGTAAGTGCCTAACGGCTTTGGAGGATTGGGTAGTTCTGCT  
 TCCTGAGGAGTTCTCTCTATAGTACTCCAAAATCACAGTGCAAGA  
 AGAGCCGGTGCCTCCAACCTCACCCAAACTCTGTACCCAAAATCAC  
 ACCGAAGGAAAAGCCTGCTTGCTCCAGTCTGTACCCACAGCGATGGTGA  
 AGGAAGAACCAAATCCCCCCCTGCTGCTCCACCTGCTTCTCTCCATCAT  
 AATTGCAGGACGTGTCTCAGATCCCAGGATCAGCAGACTGTGTCA  
 TGTAATCACTGGGAGAGTGAGCTGAGGGAGGAACCGCTTGGTCTCC  
 CCAAGCATGATTACCAACCTGAGAGGAACCTCACCTCATTTCA  
 CTGTACCGCACACCTCTCACCCACCCAAACACCCAAACAAACAGAGC  
 CCAGCTCTGCCCAAACCCCCACCCAAAGCCCTTCAGTCCCCAGGACT  
 CACGTGGTGGAGGTCCACAGCCTCAAGGTGCCATCCCAGGAGCCGACAG  
 CGCAAACGTCCATCGGAGGAGATGACCACATCGCTGACAAAGTGCAGT  
 GGCGCGCAGGGCGCGTGCAGGGATCCCCTAGTTGGTCTCATCTCGGGTC  
 AGCTTCCACATGATGATGGTTTGTCTGGGAAGGGGAAAGGCAGCGGCC  
 TCAGCTCCAACCCCTCTCACATTCCGCTCTCACTGGGTTATCTCC  
 CATAGCAATGGGGGGTTACACAGAACGCACCGCACCCCTCTCAGCC  
 CCCCCAACGCCTCCCTACGTCTCATACACAGCAGCCTCCCCACCC  
 GCTCTCTGTCCCCGAGCCCTGCACCCCATTCATCACCTCCCC  
 GGTCCCCCCCAGCCCCCTCTTACCACTGACGGTCTCCCTTATCTCC  
 ACAGTCCCCCTCCATAGGCCCCACAGTCCCTGCCCCCCCCACCC  
 TTCCGCCCCCCCCCGCCTCGGACGAGGCCCCAACCCCTCAGGCGGGCCT  
 CACCCCGCAGCGGAGAGAATCATGTCGGGAACCTGCGGGGGTGGTGG  
 ATCTGCGTACCCACCCATTGTGGCCCTCAGGGTACCGCGAGGGTCA  
 CTGCTCCGTATGGCGCGCGGGGGGGAGGGATGGCGGGGATTCAATA  
 AAGGGCCCGGGCCGGTCCGGTCTACCGCCCGCATGGCCGCCAGCG  
 AAAGAGAAAGAGGGAGGTGACTTCCGGCGAACGCGAAGTAGCCGCTGG  
 TTGTACGGCAAGAGGGCAACATGGCGCGCATAGAGAGCACGCTGAA  
 TGGGGGAATGGGCTTGGAGGTGGGAGGGAAAGGTTGTTCTGCCGCTG  
 CAGGGACACGAGGTGCGGGCAGAGCACCTCTTAAACATTGCTATTATT  
 TAACGTTTACATTAGCATTATTATTATCCCTGTTGTGCCAGGACGGAG  
 AAGAGCAGGGTGTGACGCTGTGTTATCACCTGCAGCTGTCCCTGCACC  
 CCACAGCCAACCCAAAGTTGTGACGCTGAGCAGGATCTGACCCAGGAAG  
 GCAAACAGAACGGTCTGAGTCTCCCTCCCTTCCATCCCTCCAC  
 GCTCAGTTGGGCTGTGACCCGTCGGCTGCTCAGTGCCTATTCC  
 ATGAGCAGTGGCTGATGGTGTGTTACAAGTTTGGCATCCCTGTGG  
 TTCCACCCCCCTTGTCTCACCAAGCTTTCTATCCGCTTATCAGC  
 AGATCATCCTGTTATTAGATCTGTTCTTCCAGTCAGGGCTTGCATT  
 TTCACCTGGTTTACACCTAACATCAAGCCTTGTCCCCATCTGATG  
 ATATTCAATGCAGATAAAATCCGTAAGCAGGGAAAGAATTAAATCTGGCC  
 CTTCTACACCCATTAGGTTAGATCTTGCAGCATTAGCCAAAGACGTG  
 CTTCCAGAGCCAGGAATAACGTGTCTTGATGTGCCAACACACCTGAA  
 CCAGAAAATTGCCCCAAATAGGCATGACTCAGCAAGCACCAGTGG  
 ATGATTTGCTTGGGTGACCCCGTGGTAAGGAGGCCATTGTTGGACACCA  
 CGATGTCGTTTACAGCCCTGTGAGCGCAGCGTCTTAAATTGCCCTCC  
 AGACATTCCAATTGAGCGCAGACATGAGGAGGAGGAGGAGCGTCA

FIGURE 10

SUITE 37

75/110

COSMIDE.txt

GCCCTCCGGGATGAAGGAATCTCTGCCGGGTTTCCGTTGGATCACAGC  
 AGGAGGATTGCTTCCTAAAGCATTAGAGTGACGTGGAGAGCCAAATC  
 GGACCCAGTGGCCACATTCTCCAAGGGAAAACCCCTCGGGTGCCCCTAC  
 GGTCCTTCTAGCATGATAACAAACTCTTTCCATCCGCCATCCCC  
 TTTGGGTTGGAGGTTGACAAATCCCCACTGAAATTCTATGTTGACA  
 CATGTCCTCATTCTTAAGTAGGAGTAGCAAAGGTTCCGCATTGACTT  
 AATTCAAGAGCAGATCAACAATTAGGCATTCTTATGAACTTCACATT  
 GTTTATGCTGATCAGCAGAAAAACATAACAGGAATAGGAGTGTGTCT  
 GTAGGAGTGTCTGCATTCTGCTCGTTGGCTGATTAAGGAAGCTGG  
 GAGGAATGTTGAAATAATCCAAGTGATGAGAGACTGTGGGTATGGG  
 AGGAGATGCCCTCTGCTCGTGGAGCAGTAGGGACAGAAGACCTGAGCTC  
 ATTTCATATATCTGTATATTAAAGGCAATGCTAACCAAGTGTGTTA  
 TTGGGGCCAGGAGTGGCTCTGCCCCGTTGGTGCCTAAACCAAGTGCT  
 GCCCCATTGGGATTGGGCTGCTCGCAGACCACATCCACCAACCAACC  
 CATGGCTGATAGCAGAGAGGCGACCAGGTCAACCCCTCCATATCTGTC  
 AGAAACCTGTTCTGCTATACAGGGATCCCCATCCCTCCCCAGCCCTC  
 CTTCCATCCTCGCATTGGGCTATAATTAGGCTCTGGAACGGTTC  
 CCCTGCTGCCAGCACAGCTGTCGTGCTGCAATGATCCTCCAGCTCT  
 GCGGACACGCAAACCCCTCCAGCAATCCTAAATACCCATTCCCTGCACTCC  
 TGGGACAAACTGGGAGCTGCCAAAAACTCCAGCCCCCACAGACGTGAC  
 CATCACAGCACCAAGGAGCAGAGCAAGCGAACGTGATTACGGTGCAGGT  
 CGGGTAAGCCTTCTTTCTCCACAGCCCAGGATTGGGGATCCT  
 ATTGGCTCTATGGGACTGGGAGATGCAGGAGAAATGTGATCCCTTGCT  
 GTAGCAAAACAAACCTTTAGAGTCCTGCACCTGAATCTGGCAGTACTGGA  
 AAGCAGGAGAGGGATAAGAGTCCTCTGCATTATCCTGCTCATAGGGAA  
 ATACAGCACAGAAATCATTGGGCTGCTCCTTGCTTCTTGGCACAAA  
 TTTAGGTCTCATTACAGCGTTCTTGACTGAGACCCAAATAGGATCTA  
 CAGGGTAGAACAAAGCAGACAAAAAGTGATTGATGTTCTATGCGATT  
 TGTGCTTTCCATTGAGATTCTGCTTTCCATTGGGCTTTGCT  
 TTTACAGCTTTTATTCACTGAGTGAATAGAAATTAGGCTT  
 TAGGTCTTGCATTGATGCTGTTATGAACACAGAGATGAACTCATAACACCTTC  
 CTGGTGTGGTTGCTATGGGATAGAAAGGAGCTATGGTGTGGACCA  
 ACTAACAGAGGTGCTGAGGGCTGGCCCTCTTGTCATGGGCTCTGGGG  
 TCAGCAAACCTCTTATTCACTGAGTAAATCCCTCATCCACAAATTTCAC  
 CAGTCTCCAATGCAGACCCAAAAACATCCCCATGACAAAGTCCAC  
 GAACTGAGAAAAGCAGCAAAAGCCTCCAGCCCCAAATATTATCCCT  
 ATCCCATTTATTCTATGGCAAAGCTATTCTAGGCATCAGGAAGGTGGG  
 AGATTCCAGGTCAAGTTGTTCTAATTGTGATCTTTAATGATGTTCTC  
 CCATCAGGGACATTGGAAAGTGGTCTGACTGGAAGAGGACGTGATG  
 ATGGCATCAGGTAGAGCTCAGAAAGTGGTATTTCAGCAAAGCAATT  
 CCAGGTCTTTTCCATTTCCTATTTTACCTTCAAGGAA  
 GAGGAACGCGGATCTTGGTGAGTGAATTCTCCTTTACCTTCAAAAG  
 TCCCTTCCATGTGAGAAATGGATATACTGACCCCCACTGATACCCAT  
 TTCTTGTCTGCTCTTATATTACCTCCATATTGAAACACATG  
 AAAACAAAGCCACATTAAATAATTCAAAACAGTGCACATTGGACT  
 ATTATTTCATAGAAAAGTATTAAATCAGTGCAGAAGTGCCTCTGGAGG  
 TGACTTCTGAGCACCCAAAGAGAGAGGGCGTAGGGCTGAGTGCCTCT  
 GTCTCTCTTCTGAGGATGGGATGCAAAAGTCACTGAGTGCCTCT  
 CCTCTCCCTCACGGTGAGGTATGGGTGGAGGACCTGAATTATGTGA  
 ATTCTCTGTTTAAGGGAAAGCTAACAGAAGATTTGGTAAGTCGCTTAT  
 TTCTCTGATCTGAGTGCATATTCTACACCTTACCATCAGTGTGACCC  
 AACGTGTGATGCATTCTCTTATTCAAGGTGGAAAGATGCCCTCTGT  
 GCTCGGTGAGTGCCTTGGGTCTTATCAAGGTGGAAAGATGCCCTCTGT  
 GCAACAGTGGGATTGGGAGAAGGCCCTCAGCTCTCCATTATCCACAT  
 CTGATACCCAGATGGAGTCAGGATGCAGAACTGGGAGGAGGGCCAAAG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 38

CTTGGGCATTTGGGTTATTTGTCCTCGAGAGCTCCAGGATTGA  
 CCCGTGTCATTTCTGTGTTATTCAGAGGAATGTGACACAGAAGATGG  
 TGAGTGTCCCTCGTGAAGAGGGCTCAGAGAAAGACTCCACAAATCTCCC  
 TCCTTAATGTATATTCTGATGTATTTATTAAGGGATCTCGCAGCTGA  
 GATCGGTAAGTCGTGTTACACCCCTATTGTCCTCCATCAA  
 ACAGGGCTCTGTGAGCTTGAGTTGGTCCACAGGGTTGTCCCCACT  
 CTTCACACGAATATGGGGTAAACACAAATGGCACAGAGGGATTG  
 CAGAAAGGGCGGGCGTTGGGTGGCGCTGTTCTGATCCAAGGGAGGGTG  
 AAGCTCATGAGAATGGTCTTCTTTGAAGACAATCTGACTG  
 CAGAGCTCGGTGAGTGCCTCCCTCTGCTTCGTTCACTGTTGG  
 GTTTTAGGGGAAAATGCTTATTCCCCCATAAACACACATGTAA  
 CCCAACCTGGGCTGGAAGAAGGGTCAAACGTTCATAACTGCAGACTGCA  
 ATTATCATTCCAATTGGAAGGTGATTCCATCATGAACCATCCACCCATC  
 ACAGTGGAAATTCTGACAGTGTTCCTCTGTTCCAGAACTGATGGGAACG  
 TGATAGGAAAATCAGTAAGTGCCTTTCTCCAGAACTGATGGGTATAGA  
 GATGGGTTAGGGTTAGGGTAAGGGTTAGGGTAAGGGTTAGGCTT  
 GGGGAAAATAAGTTAACATTCATTATGGCTTAGAATTGAAACTAAT  
 GTTCATCTATTCTTGTAAAGGAAAGCTCACATCAGATCTGGTAAG  
 GGTACTTCCTTAAACTATCCTTAATTCTGCAACAGTGCCTGGTATAGA  
 GTAGAAAATATGCATGTGAAGGTGATGTATGCACATGTTAACATTCA  
 CTATTTATGTACTCGTAGTTGCTATATGTATTAAATTATTACATTA  
 TATATATATTGTATATATTGCAAATATTGTATGTATGTATGT  
 TGAAGAGATTGGGTTCTGGTGAAGAGGGGGTGAATGACAGCAG  
 GTGTCCTTAATAAGCCTTATTTCAAAACACTAACAGGAGAATTGGGAT  
 ACACAGAAATAAGCCTAAAGGGAAAAGAAAAGAATGAAATGGGTA  
 AAATATTGAAAAGAACAAAAGTTGGAGAAAAGAAATGACAGTTGGT  
 TGGGTTGGGCTGCTCTGCATTCTCGCTTATTCTCCCTTGCTTCA  
 AGGTGATGTTGACACAAAGCTCAGTGAGTGGAGCTGCTTCCGCTTCA  
 CATTAAAGAGTATTTGGTATTTAAGACTGTTAAGAAATATTGGAC  
 ATTCTGTGAAAATGGATTCTGGTCTGAAAAACCTGGGCTTA  
 TTTTGAGGACGGAATAATGTCCTAAAAAGGGGATTGGCATCAAT  
 TGACTGGAGGTGAAAATAAGCAGTGATCTGAGCGTGTGGGCCAA  
 TGGATGAACCTCAATGATCATTGTCCTTCAATCCAGGCCATTCTA  
 TGATTCTGTGAAAAGAAAAGATAATTAAACATTAAATTCTCTTCT  
 CTTCTCATTCCAGAGGAACGCGACAGGAAAATCAGTGAGTGTCACTT  
 TGGGCCAAACCTCTGATTGGGAAGGGATCCCTGATAGAAGTGGTT  
 AATCCTGTTGGTTTCCCTCCTGCAGCCAAACTCTCAGCAGAAATACG  
 TAAGTCCTTCCCTCCCAATCTGAACTGTTCTTGTATTCTTAGACTT  
 CCTTTTTTTCTGTTTAATTAAAATAATGCTTTGGTTG  
 GTTTTTTCCCTATTGACAGGCAGACTGACTGCACTGCTGGGTGAG  
 TGGTGCCTAAATCCGTGTTGGTTGGGCTGAAAACCTTAAAGATG  
 GGAACCTGCAACCCAGACAGCTCATCTCTGCTTGTATTCTGTAAT  
 AGAATAAAAATGGGGAAATGGCAAAATGAGCATTGAGTCAGCAGAG  
 CTGCTGTCCTGGGCAAGAGGGCACCGCGTGTAAAAAATACATATT  
 AACCATTTCCCTCTTTCCATTAGGGACCGTGACTCAAAGCT  
 CCGTGAGTGCCACTCTCCTCTGATTAAATCTGAGTGAAAGATGTGGATT  
 TTCTCAGTGTGCTCTACATCTCAGTGTGTTCTGAGCAGTTCCCAA  
 ACTTTGTGTTCTCCACCCACCCCTACACTGATCTAAATGGGTGAT  
 TGCTGAAATCAGTGGTTCTCCCTATTGATCTATCTGTTCTGTTATT  
 CCAGTATATGTTTATGACATAATTGACATATTGTTCTGATG  
 GCCCATAGACCTTATTACCATGCTGCCCTGTGGATCAGAAAATATA  
 TTTAATATAAAACAGATATCTCTACTGACAGTGATTCTGATGCACCCAT  
 GAAGGAAAAGGATTAAAATAACTTTAATTCTCCCTTTAGGCAAC  
 TGACAGCAGAACTCGGTAAAGCCATTCTCCCTCCATAAAACAAA  
 TGAAATTATGGAT**REPLACEMENT (REGIE 26)** CAGCT

FIGURE 10

SUITE 39

77/110

COSMIDE.txt

TTGCTCTAGGACGGTCTGAAAAGTGACCAAAATCTGCTTTACTCATTT  
 TCTCTTATTTTTGTAGCAAAGTGCAGTCAGAAGTGCCTG  
 CTGCATGTGGGGTACCTCCATCTCGGGTCACTGCTGTTCAGCA  
 TTGAAAGGACATCAGAATTCTCTAAATCCAACAAAATTGGGGTCACTCGA  
 AGGAATCTTGCAGATATGGGGAAATCAGAGCCAAATTGAGGGGG  
 AGGGAAAATCTCAGGGTGTTCAGAAATCCAATGGGATCTGATGGTATT  
 TTCTGCTCTCAGGACTGTTACAGTGGACTCGGTGAGTCGTTCTT  
 TTGTTTTTTCTAATTATTATTATTAGTAGTATTATAAATCAATAT  
 TACTGTTGCTTATACATATTGTGTACATTATACATAACATACATT  
 ATATACAGTATATAGTATACAGTAGTATATAATTATGTATTATATA  
 TATAATGTATTATAATAATGTATCTAATATATGTCTGTATTAGATAT  
 AATGCATATATATTATGTACTACAGTCATATTATAACATTTACTTAT  
 ATCTGCCTTTCCACACGTTATTGACCTGATTAACAAACTAACTCTA  
 AAGGCAGAAGAAGATGAAAACCCCAATTAAACACCAAATAATTGCAGCT  
 ATAGATCATATCTATCAAAGCAAATTGCCTTCAGTCCACATCACGAAAT  
 TAACAATAGAAAGGTTAAATTGGAACGTACAAACAATGACAACAAACC  
 CCCAATGGCTTTCTCTTCTGCAGGAGAGCGTCACACCAAAATAGGTAC  
 GTGAGGTGTTGCTACCTCGTTGGAGGAAGAAATTGCATTAATAAAA  
 CCTCTGTCCAATATGAAGCCGGGTCAAATTACTCATAATACCACTGA  
 TTGTCATGAATTAACAGGGAAAAAAAGGCTAAACTGAAAATAACATT  
 TTTTCATCTCTTTAAGGGAACTCACTGCAGAAGTTGGTAAGTCTCT  
 TTCCCATCAGTTAAGCAAAATGGTCATCAGATATATAATAATCCCTT  
 ATTTCTGCTTGTGTTAGGGACTACAACAGGAACTTCGTAAGTGCCTT  
 TAACCTCTCCATTAAAGAGTTAACCTTCATATTGTGATGCTTCAAT  
 GTGCTGAAGCCACCAAAATGTGTTAATTGTAAGGGCTGAGCGTCA  
 AACCTGAACACTGCCATGTTGGGGCTGAGATTGCTGGGATTGGTTT  
 CAGTGTGAAATGCCTCTGGGTTCTGTGCGCTGAGCTCAGGGAAACACGA  
 CCAGGGCTTCCCAGTAGGAATGAGACCCAAATATTCTACCTGGGGCC  
 TTTTCCCATTGGAAATTATTCTGTAATCCATATTCTCCACGTTGAG  
 CGTCACTCATCAAATGTCACAATTGGCAATGTTGAGAAGATATAGA  
 TATCTATTAAACTGATTAATATGGAGGTGTTGTTGAGTGTGAT  
 GTCATCGGGAAAAGATCTGAGTCATTGAATCCCATTTCTCTTCTCTT  
 TTTTAAAGGGAAACACGCAGCAGAACTTGGTAAGGGAAATTCCCTCCCTGG  
 TTTGTTCTCTGTTCTCTTCTGAGGGGATTTTCTATGTCTTCT  
 TTCTATGTCTCTTCTATGTCTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTT  
 CTTCTATGTCTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCT  
 TTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCT  
 TCTTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCT  
 TGTCTTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTT  
 TATGTCTTCTTCTATGTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCT  
 CTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT  
 ATCACCTCAAATGAGCCTGAATGTTGCACTGAGGACTGAGCACAGCTG  
 GGCACAAATTCTATCTTATTCTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCT  
 AAAATCAGTAAGTGCAGCCAAAGCCATAGGGCTATGCTGGCTTCA  
 CCCACAACATGAATTATAAAATAAAATAAAATAAAATAATT  
 ATATTATGTATTGATATTAGCAGTATTAAAAAAAAGAATAAAATAA  
 CTCAAGAATCTTAGGATCAATAGTAACACAATGATGCAACGTGGATACAA  
 AAGCAGTAATTCTATTCTTGGGTTTATCCTCCAGGGAAACACGA  
 AGCAGAGATACGTGAGTGTATTTATATACTCTATAATGGAAAACCTTT  
 TTCTCTGTAATATAAAATAGGCTTTATTATTTGAGGGGTTTTGGCTT  
 AACGCAAATGCGAAGTGCTGAAATTCTACGTATGAAATAGAGGATTCC  
 CATAGAGAAAAACAGCAATTGGGCTGGAATAAAAGTTCTTCT  
 CTGAAAAGTGAATGAAAAGGGGGAAAAGAACATAAAATTGAGTTTT  
 TCCCTCATTAACTGTCAATGAAATGGGTTGGGTTCTGAATGGTGTGTC  
 AACACCTCGTTTGGGTCAGCCAAACATAATATGTGTCTGTCCTTATT

FEUILLE DE REMplacement (RÈGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 40

78/110  
COSMIDE.txt

TCTGTATCACTGGTGTAAAGAGAGCTGTTTGAACTAATATCTTTTT  
 TAATTACTTTCTTTCTTTCTCCCTTTCTCCGTTCTCTC  
 TGTTTGCTTAAGGGCGCCTCACTGAGCTGCTCGTAAGTCATTCC  
 TCCTTGCACTGTCAATCCAGCAACAAACCAAGCCTATTGGGGGA  
 AGGAGGGATAAAACACAATAATGATGAAATCAGTGCCTGGAAAGGGTG  
 CAATTATTATTCTCCTGCAAATGAATACTCCTTCCCTTTGTTGC  
 AGAGGACCGCGATTCGATGTCGTAAGTCCTTGTGTTGCCCAGGAGCT  
 GTGAATCCTCAATGGAAATGCAGAATTTCAGAGTCTGCCCAAAATG  
 ACCTTTGAGGCTACAAGGGATGGAAAATAAGGAGAAATGTCCTTATT  
 TATTGATCCTGTTATGTCAAAACGGGTGACTCTCTCTGCCGAA  
 CACGTTAGAAATAAGAACACAAATGGGAGGAAATGGTATTTCATAT  
 CTGTTGTTTCTGTTAATTAGGAGAACAGGACATCCTCATTAGTA  
 AGTGGCAGTTGGATTGATAAGAAATGAGCAGCTCTGGGACGTTGGTG  
 CTGCGATTGCTGGCACTGCTGGGCTTGTGTTGTTGAAAGTGGAAATT  
 ACTTCAAAGAAGAGAAGAACAGGAAATTCTGGAGAAAAGGGGAAATAAA  
 TGGAACTGTTGGGAAAGAAGGAGGAATAGAATGGAAATATTGGGAAA  
 AAAGTGAATAGAATGAAATTTCAAAAAAATGGAATGAAATTAGG  
 GAGGGGAAAGGGAAAGTGGAAATTATTGGGGAGAAAAGGGGAA  
 AATTGAATGACTGGGGGGAAATGGGAAATAGGATGGGAGTATTAAA  
 AATACAGAATTGTGAAGGTTCAAGCCATCTCAGAGAGTTGGTATCCTC  
 GAGTCCCCCTTGCAACCATGAGCATCCTGGGATGACACCAATT  
 TGTTCCTCTTCAAGGGAAACTGTCAGAAGAGCTCGGTGAGTTATT  
 CCACTTCTACATACAAACTGATTCTGGATATTCTTTGTGTTTC  
 CTGCTTGCCCTTTGTTAAGAGGCACTGCAGAGGAATGGCACA  
 AAGGGTGCAGAGGATCTTGGGATAAATAACAGGGAAACAGGGATGGG  
 TAGCAATGAGTGGTGCATAATCTATGGCACAAAGGTGACGGCGTGT  
 TCACATTTGCTTCTCTCCCTTAAAGGAAATTAGGGGTGGGAG  
 TTGGTAAGTGAATTCCCTTCTCTCCCTTCTCCCTTCTCTCCCTTCT  
 TTTGGATTCTGATCTCTTCTCCCTTCTCTCCCTTCTCTCCCTTCT  
 CTGGAGAGGGGTGAGTATCATTCTCTTCTACTGCTGCTTTGACTGAAG  
 GAATCCCCATAAGCATGCTGGGATGGAAATTCTACATCTGATACAC  
 AATTATTATCATTCTCATTTCATTTTATACACAGAAATAGATAATT  
 CCTTCTTTCTCTTCTCCCCCTTTAGAGGAACATGATGCCAGAATT  
 GGTACGTGTCATCTCCCCCTGCTTTGTGGTGTCTCAAGAAGGCCAAT  
 GGGGTATTGGGATTGTTGGTTGAGGATTGGTTCTGATTGAATT  
 GGGGGAGGATTCAAGTGCACACACATCAGGTCCTCATCTCATGTT  
 TCCTATGGGCTTGGATCCTCTGTTGGATACCTAAGAATACCTGAAATCC  
 ATAATATGCCATTAGAAGTAACACATCCATCAATGATATATCCATAGAAT  
 ACAAGAGAACGGTCTACATTACTTCAGATCCCATTTCAGGTTAACCAT  
 GAAAAAAATACCAAAAGACTGAATGTCACATTCAAGGATCCCGTGTGA  
 AAATCATGACTCTGTTAATTATAAGAAAATGAAATTCACTGTTTT  
 ATTCTTTAAGATGAACCTCAACAGAAGTGGTGGATATTCTGC  
 CCTCCAGAAACCAAGCATGCACTGAGTTGCAAGTCTGTTGGATATAT  
 TGTAACGTGGATATAACCTGTATGTTATAACACCTCTGGTTCTCTT  
 TCCTTCTTCTCTCAGAAAAACGAGAGAGAAGAATTGGTGGATATCAAAC  
 TTCCCCCCCAGAAGTGGACTTGGTGTGGAGATCCATACCACACG  
 TTGGTGCCAAACTTAATGGAAATCCTTGTGTTTCTCTATGTTTCA  
 TGAACTCAGTCAGAGCTCGGTAAAGTCGTGATTATAACTCATAACGAGTT  
 ATAATGCTATTGTTATATAATACATATTATATATTGTTGCTATAAT  
 TCATAATAGAGCAAACAAATCACAAGGCACAGAAATATGGGTTGCTTGA  
 GAGCCAAACCTTAGGAAGTGTAAACACAATGGGAAGAGGACAATGAC  
 TTCTGTTGTTCTCTTCAAGGCAGACTACAAGGCAAAGCAAGTGGAGTGT  
 CTCTTCTCATCTCAGCACGTGAGAGATTGGGGCTTGGGACGG  
 CTATGGGATTACACATAATAAAACAGAAGATGAGAAGACAGTTGTTA  
 ACTGAATTCAAACCTGTTGAATTGCTAAATTGACTAAATAATC

FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 41

79/110

COSMIDE.txt

TCCCCAGTACCAATTATAACAATGGGATTAATTACAGCCTGCCAGGAAA  
 GGAGCACTGAATTTCCTCGTCCATCCAGCATGAAGTCCATCAGACT  
 TAAGCTTACAGCTAAAGAATGGTTATTTTCATTAAACCCCTCGT  
 AAGTTAAAGATGGACTTCAGCATCACAGAAGTAGCCAGAAATAGTCAA  
 AAAATGGGTCACTGAATTCCAGAGCACCCCCCACACTTCTGGTGA  
 TAGGAAAACAATATTAAACTAATTAAATTGGTTTTCTTTAGG  
 AAGATGTTTGAGGAACACAGTAAGTGCCTTCTCCCTCTTAAGCA  
 TCACTTTCACTTAAGTCTGCATCACAGTTAAATAATCCATCCTTATT  
 ATGCATTAGGGAGAGGCGAAGAAAAGTGGTAAAGTCATTGGTAA  
 TTGGGTTCTGCTGCAGACCCATCCAGGAGCTATGCTCCTCTTAG  
 TGTCTGCACTGTAGAAATATCCAGGTTAGACGTGTAGGTAGGAAATCTG  
 GACCTCGCTGGAGGTATTGCAGACCCATTATGTGTAGGGGAAGCAGAA  
 CATCAAACATTGAGCCTGAGCTCACGAAGACAAGCACCCTTCTAGA  
 TTTCAAGCGAAGTCGAGCTGAATAGATTAAATTCTTCTTCCATAGTA  
 AATGTGACTCTGGACCCAGAGACGGCCACCCCGCCTCGCCTCTCCAA  
 GGACCAGAAGAGCGTCCGATGGGAATACAGCCTGCAGGAATCCCCGACG  
 GCCCCGAGCGCTCGACGCCGATCCCTCGTGTGGTTGTGAACACCTTC  
 ACCTCTGGGAGGCAGTGTGGGTGGATCTCACAGAAGGGCAGTACTG  
 CGCCGTTGGGTCAAGCAGGGAGTCCCTGCCAGGAAAGGAGCCGTCA  
 TTAACCTGATGAAGGCATCTGGCTGTGCAGCAATGGGGTTCAAGAAC  
 AGAGCCTCACCTCCCTCGACCCACTGAACCTTCAACGGGTTCCAA  
 AAAGATCCGCATCTCTGGACTACGAATGGGGCGAGGTGGCGTTTTG  
 ATGTGGAGAACCAATGCCATCTTCACTTTCTGTGACCTCCTTGGT  
 GGGGAGCCGCTCCGGCGTGGTCTGGGTGGAGCTGGCTCCCTCTCA  
 GCCCCAGATAACCCCGAATCCCTGGAGGTGCTGTGGAGGTGCCTACAGC  
 AGCTCTTCCAGACGGGTTGGAAAATCTCAGGAAAAGCAGCATTAAA  
 CCTCATTCTCCCTTCCAGTCACCATTGTCAATGCAAAAGAAAGGAAA  
 CCCATCCTCAATGTCATCAGCATCCTCCGTGTGTCATGCTGGGGCCCC  
 CATTGATGTATGGGTGGCTCTGTTGGTGTCTGGTGCCTTATTGACG  
 TATGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGTGG  
 CCCCTATTGACATATGGGTGGCTCTGTTGATGTCTGGTGCCTTATTGAC  
 GACATGAGGTGGTCCCCATGACCAAGCCCTACCTGGATCCAATGCCTCC  
 TGATTGCAGTTCCAAACTCTAGGGACGTTAAACGACCCACAGAGAGGATG  
 GGGTCCTCTGGTCTGATGGAGAGAGGGTGGCACCGGGTAAGTCGCTG  
 CCTACATCACCCTGGTGTGGCTCTGTCAGCAGCTGGTGTAAATTCTGCC  
 ATCTGGCTATTCTGTAGAAAGCAAAGAAGCTCTGCTGGTGGCAGCTC  
 ATCTCCAGTGTGAAAAGCAAATGCAACGCATGCACCCCTGCTATCCAT  
 GTGCCATCCCTCCATCAGCTGTGAAGGAGAAATCTGCACTCAGAAG  
 AGATTGAATTGGGCTCAGATCTGGCTGGGAAGATGATGATTCCAACCAG  
 AGTCCAGGAGACTTGGGAATGCATGAATCTATAGGAAAATGGATAAC  
 CCTTCATCCAAGAGCAAGCTGGCATGATGCTCTGGGTGAAAACCCATAA  
 TGCCACCTGGTTTAAGGTTGGGCTTACAATGTGTCAGCTGCTT  
 CGGGCGAGGCAGTGGGAGCCCTAAACCCATTGGAGAGGTCAAACCA  
 GGAGGTGATTGTGGCCCAGCTGCAATGGAGGTAGGCAATTATGGACAT  
 CGCTGAAGCCACCCACGCTCTGGGAACCTGGTTTCACTTCACTG  
 CACTTTAATGGGATTCTCATCAATGTCTGCATGTTCTGGCACCTGTT  
 TAAAATATAATAATAATTAAATCTTGGCCACTGCAGGGATGAGC  
 AGCTGGTGGTCCAGCTCACAAATAACCACACTTGAGACTCCCTGGAGA  
 ATTGCTTCTTGTGAGCTGGTCCATGTGGGCTGTTGAGCCCTCT  
 GCAGCTCATAGGCTTCTCACAGCCTCTGCTCCACCTATTGCTGAAA  
 GGGGAAATTGAGATGGATCCCATTGTGAACATCTCCACCTGTGGG  
 TAATGCTCAGACCTCTCAGCCCTGTGGGTTAATTCTCTTCTGCA  
 TAATGGGTGGGATGTTCAATTACTGCAATAATTAGTGTGATGGGATAGGG  
 AGGCAGGAGAGGATCCAAGCAGGGAAAGGGGAGGGGAAGGACATACTG  
 GTGTCTGRENDE DE REEMPLACEMENT (REGLÉ 26)

FIGURE 10

SUITE 42

80/110

COSMIDE.txt

AGAATACCATTCTCCCTATGCCAAAGCAGAACTGAGGGCAAAATAGTG  
 GTTATTTAAAATATATGTTTAATTGACTATCAACAGGGCGAATGGC  
 ACAAAGGTTGCATCACGCTGTGGTGGGTTTGATGCAACTCAAATTG  
 CAACTAGGAGTCTGTGCTAAGTCTAAGGAAAAATGAGATGAAAATG  
 AGATGAGAAGCCGCCAGCTGTTAATTAAAGCAGTTGGTACTGTCGT  
 GCTATGGTACTGAAGTAAGCAAGCACTGTGCTGCAAATGCCCATCTC  
 TCCTGGAAGTCAGGATATTTCCCTGTGCCAATAATGACAGAGCATT  
 TTAAGCCAAATCTTATCCAGCAAATTCCACAATGGAGACACCGATCT  
 GCAGGGAGATTCAGATAGCACATTCTGTGTTCTTAAATAGGGCTGAT  
 ATTCCTCTGCCCACATGTGATCCATCTGAGCTCACACAGCCCTAAA  
 AATCTGCAAGGATCTGTTCTGCTGCCCTGGCGGTGAGTGTCTTTGGG  
 CTATTGGCACATTGGCAACGGGAGTTGGCAACGTCACCCGAGTT  
 TTCCAGAGTTCTATGAAAAGCTTAAAATCGGGTTTGCACTTTCCA  
 CGATCCACCTCTAGGGACCAAGCTGGTATTGGGGGGGGGGGGGTGTC  
 TTTCAGGGGGTTGGGTTCTGTTGGGGATATTGGCATATAAAGGT  
 GGTTTCACCTTGGGATGGGCTTGGAAAGGAGTGGTTGTTGGCTGTC  
 CCGTTGCCTTCTCCTACAAAGCCTTCTCCTACAGAGGCTGCACCAA  
 GGTCTCTTTAGCAGATCACAAAGAGAGGGCGCAAAGAACGAGGTTAGAA  
 TTCAAGTTTAGGGTTGAAATATGGTAGGATGATTGAGTCCTCTCCT  
 TTGTCGTACCAAGCCTGGAGATACCAATCTGAGATGTCACAACTGCACAA  
 TGGAGCCTTCAGTGGGATGAACTTCAGGCCAGATGCCAACAGAGGGTGT  
 AAGTTTGGTTAAAGCCCACATCAGTAGCAATAGAAAGAAATGGGTGATT  
 CATCCCTCCAAAACCTCAACTTTGAAGAAATTAGGAAAGAAATCCC  
 TTCCGTGCTGAACCTTCTGATTTCACCCAGGGCAAAGAACGGAGGAT  
 CGCGAGAGATTGGAGACCACAGCACCATGGCCTCTGCTGCTCCAGAGCA  
 AAGGAAAAGGGAGAGGGGGCTCCACCACCCATCCCAGAGCATCAGAT  
 GGGCAATGGATGCAAGCAGCTCCGTGGCTGGAGGTGACGTGGCAGG  
 AGCGAGGACGGCTCGGAGATACCGAGGTACAGCCACCGAACCATCTC  
 AGGAAAGGGAAATTCCACACAAAATCCATTGGAGCACCTGGCAGAGAA  
 GCTGAAGCTTGGGCTGGATGGAGACAGAGGGAGAAGGAGAAACTCT  
 GCTCGGCGCAAGAGGACATTCCCTCAATGGACCAACGGGATGATGGA  
 GGTCCCACTGGAGCCCCATAAAGGAGTCAGTCAGGAGGATGTTGTCAG  
 CCCTGTGTTATCCCTAAAGCCTGTTAATCCTCATGTCATGCTGAA  
 AACTTCTCTGCGAAGTCCAACACATTGCACTCTCCCTTTCTC  
 CCATCACAAATCTCCCAAACCCCTTTCTCCTCCAGGAGCAGATT  
 CACAGCGATCTGGAGAACCTCAAGAAACAAAAGGAGGAGCTCTAGAACT  
 CAAAAGGAGTGGGGAGAGGGCGATGCCAAGACCTCTGGAAGAAGCTGTT  
 GCCTCAAGCTGGAAAACAGAGGTCTTTGGGTCACGTTGTTGATT  
 TTCCACAACCTACAGACACGGACGGAGGCTGAGAGGGAGAAAATTGTGTC  
 AGAATTCCGTCAAGCTCCGCCGTTCTGAAGGAGAAGGAGATGGTCTCG  
 TGGCACGGCTGGGGAGCTGGACAGGGCTGTGCTGAGGAGGCAGGAGGAG  
 GAGGAGGCAAGGTGGAGGGGACATTCTCCTCGCATTCTCATCTG  
 TGAGATGGAGGAGAAACTCAAGCAACCCACACGTGGATTCTACAGGTTG  
 GATTCTACGGGTTGGATTCTATGGGTTGGATACTCCATTGGACCCCTCT  
 CCCTCTGTCCACCTCTCAAAGCTGGGGAGATTGAACCATTCTC  
 CTATCTCTTCAATTCCAGGATGCCAGAACGACGCTGAGCAGGTATGTG  
 TCCTCAACCTCATTCAACGGGTTGGAAAGGGTCCCCATCCCCACACCC  
 ACGGATTCTAGCACAGAAATGAGAAATGCATGTGATTGAGGCAAGGTTGG  
 AAGTCCCAGGGGTCAAAAGTGCCTCAGTGTAGGAATGGCCCAAGAGA  
 AAGACCTCGTGGCCATTGGGCGACCCAAGGGACCGCATTCTGTACGGAG  
 CAGGTTGGCATCCCCAAACCTGTGACAAAGGGACATTCTGGAGCCAACCA  
 CCTCAACCTCCATCCCCACATCACCAAGAGATCCCCACACTCATCACCACC  
 AGTCCCAGCACTGATGAGATTGTGTCAGGTGGAGAGGGCAGAACAC  
 GAAGGATGACAGAGA  
~~FIGURE 10~~ DE REEMPLACEMENTS FIGURE 26 ATC  
 TCCCAGCAACATAAAATCTCAGGGAGACGTGGGAGATTCCAAGGTAT

FIGURE 10

SUITE 43

81/110  
COSMIDE.txt

TGTGGACCACAGTATTCCCTACCACATAGGATTGCTTTGACTGAAGGTT  
GGGGGGTTTTGGTCGTTGAATAGGAGTTGTATAACACTATTGAAAAC  
AATTTCGATTAACACTCACACTATCAATCATTCTAGGCCTAAGAGCATTG  
TTTTTAGGACCAAACTCCCACAGATCCCACATAAAATCTGCACAGATAT  
CCATGATAAACATGGGGAACTGAAGCAGGCAGATGTGGGACATGACAT  
CCAACCTCTGTTCATCCCCAGATCTTTCTATCTGAGCTGGAGAAGGA  
GGAGGGAGCATTGTAGGAGAAAGAGGGAAAGGTGAGTCCTAAAGCATT  
TTCCTTTGCTCCATGGTCATTTAGCCAAAATACTGGCGTCAGAGC  
ATCTGGAAAATGATGGTTGAGCTCATTTCTGGTTCTAAAGGTGATA  
TAAAGAAGCTTCCTATATTCAGCAAAGGTTCTGAGCTGGAAAATAT  
GGAGACATCGCTGATCCCAAAGTAGATTGGGTGCTGTTCCAGCTTAG  
GGTGTGCTCACCCATTCTCCATCCCAACAGCGTTGTCACCCCTG  
GACCCCAACCACTGCCACTGCAGGGCTCGTCCCTGTCCCGGGACCGACGTGG  
GGTGAGATGGATGGATATGGGGCACAACATGTCCCTTGTCACCCAAACGCT  
TCGATGTCTCTGCTGTGCTGGCTGAGGCTTCACCTCAGGGTGG  
CACTTTGGGATGTGGAGGTGATGGGTGGCTGCCACGTGGGACTCGGGG  
GGCACGCAGCTCTGTGCCAGGAAGGGTGGCTCACTTCACCCCGATT  
ATGGGATTTGGCTATGGGATGCTGTAGGAACAGCTTCCGAGCTTCACA  
TCTCCCCATCC

FIGURE 10

SUITE 44

82/110  
D12FOR.txt

GGGGGGCGATATGGGTGGTGGGACATGAGGGGGCGGGGGGGTCGGGTC  
TCACCCGCCAGCAGCAGCCGCAGCCCCGCAGCCATTGCTCTCCGCTGCTT  
TCGCTTTCGGCTCCGCTGTGGCCCCACCCCTCCGTCACTTCGTCAATAT  
TAATTTAAATCCCTGAAACCCATTAAAAAAAGGGTCGGAGAGGGAAAAC  
TCATTCAAGAACAGTGTGGAAGAGGGACATGGGTGGGACAACCCGGCT  
TTCCCCACAGGCCGACCTAACACAGCCACTGCCACCCACCCGGATCCA  
TGGGTGACGTAAGGATGAGGTTCCAGCACATATTGGACCCTCTGCCTT  
GCATGG

FIGURE 10

SUITE 45

83/110  
E1REV.txt

GTGGGGGGCAGCGTCCGCGTGCACCTCGTCTCGCTGTGTTCAAGGGCGCC  
 CCGTCGCCGCCGCTCAGGTAACGTCGGCTCCATTCCCCTCCGTC  
 CCGTTCCCGTTCCGCGCTGCAGGGAGCGGGCCCGATCCCAGCGCGGGCT  
 CAGCTCTGCCCGTCTCCCCGCAGGGATGCTGAATTAGCTGCTGCCCGCC  
 GAGCCGCTGCACCCGCACCCCCCGCTCTCCCGGCGCTGCCCTCGGCTCTC  
 CCTCGGGCTGCCACCGCGTCCGTTGGAGATGTCGCCACGATGCACGCTTC  
 GTCATCCATCTAATAAACGCGCTGACTTTGACCCCGCTGTCGCTGCCCG  
 TGAATCATTGGGACTTCCGTCGCTGGAGGAGGGAGGGAGTGAAA  
 GCTTCGTGGAGAAGTAAACCCAGCACCCATGGGTCACGGGACGTGGA  
 TTGGTGGGATGGGGATGGGACTTGGTGGTCAATTCCACCCATA  
 GGGAGCTCGCGGCCACCCAGTGGTCTCATATAGACTCCATGGTCACACC  
 ACTGTCACCTTTGGTACCCATGATCCCTGTGTTACCCCTCGGGGTCC  
 CTCAGTGGTACCCACGTTCCCCAGAGGCTCCCTGTCGCCCTCATC  
 ATCTCACCCATTGACCACATACCCCCCTCCCCCTATGGATAACCCAAAG  
 CCATCACCAAGTGGTGGGATGCAAACACGGGGCCCGAACCTGTCCT  
 ACAAGCACAGGGTGGTACACAGCCCAGACAGTGTGTCATTGT  
 CACCAGGCAGAGGACACACAGGCCACAGGCTCAACTCGAATAATATT  
 TTCTTATTACATGTTAAAGAATCGAAAGGTTGGAAACATACAGTAAGA  
 TGAACACGGCTCTAAGGCTTAACAGTGGGGCAGGAGGGTGGGGGGGA  
 GAAAAAAAAGAAAAAGGGAAAGAAAAAACCAAAACAAGTAGAAAAAAA  
 ATGATAACAGTCAACGTAAAAAGGGTGGCCCTCCCTCCCCCAGTGGGAA  
 CATGCGGCCGCTCGTGCCTGGGGTTTATGTCAGGGGCCGGCAGCTC  
 CAATAAATTAAACCTCAAATACAATGAGGGGGAAAGGGGGGTGCAGA  
 GCCCTCGTGGTGGTTCTTCTTAAATGCTTTTTTTGT  
 AATTTTTTAATTTTTTAATTCTTAAATTTCTTAAACCCAAACCTT  
 TTTCTCCCCCCCCCTTTTTGGAAAAAAATCCACGAGTCAG  
 GAGGAAAAAAAAGCCAACCTAACACAACAAACAGTAAACCT  
 GCTGGGGGGCACCGCCGACCCCCCTTGTCCGACCCCACAGCCCCACACT  
 GCCCTGGGACGCTCGGGGCTCCGGTACACCCGGACCCCCAGCTGAG  
 TCCATGGGCGTCCCTGGCTGCTGGGGCTCTGGCTGCTCCATGC  
 CGGCCCGGTCTGCAGAGCCGCTGGGATGCTGCCCATGTGGTGTG  
 GGGTTAACCGAATCCGACTCGTGGAGCTGGAGCTGGAGGCGCTGAGCCGTGAAAC  
 CTGGAGCTGCTGGAGCTGGAGCTGGAGCTGGAGGCGCTGAGCCGTGAAAC  
 AGCCACCTGCTGTGACTCGGGCTTCGTTGGCTGCAATGGGACAAC  
 ACTGCGCTAGCATCACCACAGATCACACCCCAACTCCACAGACCC  
 ACACACCCCTTTTGGGGTTCTGGCTGAGTTGAGCTGCCCCGTGA  
 CGTCCTGCAGCCGCTCTCCAGCTCCGCTTCTCCAGCGCCAGTTCT  
 TCTTCGCTCTCCCACCGGCTTCTCATGGCTGAAATTCAAGGTTCA  
 CCCCCACACCATCCCACCTCCACCCAGGGCGCCCCCTGAACGCAGCCCC  
 CCACTCACTCGCTATAGGGTTGCGGGGTTCTCCGAGGCAGGACA  
 GCACGTAGCGCTCCAGCTCACGCAGTGTGGAGGGTTGAGGGTCTCGAAG  
 TCGATCTCGATCTCTCGGGGTTGGAATCACGAGTGAGGGCTCCGGGA  
 CTGGATGATGTGCACCAACAGGCCAGCTCTCCCCGGCAGTTGTTGA  
 TGTCCAGGCTCAACTGCCTCTCATCGTACGTACGGTTGCTCTCC  
 TCTTCCTCTCCGAATCGTAGAGCGTGGCGGAGGCGGAGCGCCGCTTT  
 TGCTGCTTCTTGAGTTCTGCAGGAAGCAAGCACCACAGGAAATG  
 AACCTCAGGAATCACCCACAGCTGACCATCATCCCCAAAAACAGCCT  
 AGACTCACTGGAGCTGCCACCGCTCCCCCGCCACCCCTTCTG  
 GCCTTGCGGAGCTGTGCTGACCGCCGGCTCTCTCATCTCCTCTCG  
 CCCTTGCGCTCTCCGATTTCTTCTTTCTCCGCTTCTT  
 TGGGTTGGAAACGGGGCCCTGTGAGAGGGCAGCCAGCTGCTCGTGCACG  
 GCCCGCAGCTGTGGGGGAGACAGGGGGTGGAGGCGGGCATGGGAGCAGG  
 CACAGGCAGCAGCACCGCCAGCTCCGGCCCTCACCTGCTCCTGCAGCT  
 CTGCCAGGCGTTGGCACGTTCTCTCCGAGTCAGAGCTCTCCTCGCTG  
 TCTGATGAGCTEEUH DE REPLACEMENT REGLE 26 AT CATC

FIGURE 10

SUITE 46

TTCATCTCATCATCCTCATCGCTGGAGGATTCCCTCGGAGGAGGATTGG  
 AGAGGGCTCCAAGCAGTGGGCAGACACTGAGGTGGCTGGCGTCTGC  
 GGCTCATCAGGCATCTGGCGTAGCTGAACCTAAAGACATCCTGAGAGAG  
 AGGACACAGAGGGTAAGCTGACTGGCTGGGGTACGGGCTGCTGGG  
 TGACCCACCCACCTGCAGCTTGCAGGCCATGCCACACATCGTGGTCC  
 GGAGGGTTGATTTGAGCTGGAGAACATTAACCGGACATCAGCGGC  
 AACTCCTGTGCGTCATGGTAGTCCCGTTCTCATCTTCCGCTGTGGGA  
 AGGGAAAGGCAGCAGACCTCAAAGCCACCCCCACAAAGCCCCATGA  
 GGCTGTGCCAAGGCCACGGAGTCCCAAGCGAACCTGATGGTGTGAG  
 GTCCATGGGTGTTGATGATCTCGTGGTAATCGTCAGCCCCAGCGCCG  
 AGGCATCGACCGGCTGTAGAAGGCCATGCGTAGGCAGCGTGTCTTGT  
 GAGAGCAGCTCCTTCAGAATCCCATTGCACTGAGTATTGAGCTGCTCCGACAA  
 TTTGCCCTTTGGAGGTCTGATGCTGCTGGGAATCCGGCAAGTCCTTCT  
 TGGGGGTTGATGGGCGGCCGCTCTACGCCGTGCGGGAAATTGGCC  
 GCCTGGCCTCCAGCAGCGTGGCTGACGGGAGGATTACCGCTGGTGGC  
 TATGATGGCGGGTGGTGGTAGGGGTGGTGTCTGCTTCCGCTTCACAC  
 CCTTTTCTACCAAAATACAGAAAGGTTGATGAATGGGAGGCCAGCACA  
 GCCCACAGAGCCTCCCGTGAGCGAAGAGCTCCATCTCCACCTTGG  
 CCACGGGTTGGGTGGCGCAGGCGCAGTCAGCACAGCCGGGAGTGGAG  
 TGCAGCGACTTGAGGAGCGGAGCGGAGATGACGGACGGTGGGAATGTT  
 GACAATGGTGGTGGCAGTGTGCTGGGCTTGGGGTGTACACAGCGGTGTGGG  
 ACACAGAGGAGACAGCTGGCACTTGCTGAGCCGTGAGACCTGCCAGG  
 AGCGCTGGGACAGGCAGAACCCCCATTAGCACCAAGGTACCTCAGTGC  
 TCTAACCTGAAAGCGCAACCCAAAGAACCCCCAGGTACCTGCTGCCGAC  
 GCTCCCTCTTGTGGCTGTTGGCCACTGGGACCAAGCAGTCTCTGCTC  
 TTCTGGTGGCATTTGGGCACCTTCTGCAAGGAAGATCTCTCCAGGGTTT  
 GGGCCATCAGCACAAATGTCATCTGTGGCTACAGGGACAACCGAAACGTC  
 ACAGGATGCAGAGATGGCAGAACGGCTCAAGCATCCATGCTGCAGTC  
 CTCACCTTGTATAGATATAGCAGTTGTGAACATGGTGTGAAGTCTG  
 CATGCACTCAGCTGCCCCCAGTAGTAGTTGTTCTCAAGGCCGTTG  
 TCGTCCCCATGTCATGGCTGTTGATGATCTGTGGTAATCTGCATA  
 GGGGATGGACAGTCAGCGCCGTGTTGTAACCACACTGCAACCTCC  
 CCCCCAGAAGCAGTGGTTGGGTTTTAGGAGCTAACATCCCCAAAGT  
 ATCAGGACGTTGACACGACACAGATCCGCTCTGCACCATGCATAAAA  
 GCAGGGCAAAAGGGTGCAAAGGGATGGAAAAACACCTCCGGTCTGGTCC  
 CCGCCCGAGAGTGCACCGCTGCTGCTGTAGGGGACCTTCAGGTGCTCT  
 TGTGGGTTGCCTACGCTATAGGACAGCAAAACACTGCTGTCCACAGCA  
 TGAGGGTGAATGGGGCCACTAATGCTAAAGTAAGAGCAAACCTATGTGG  
 AATTTCACCTCTGGCTTAAATCCTGGCAGGACAGGTACACAGGGGGC  
 TGGCGTTAAATATTGGGTACAAGATGTCTCTACAAATTGATGGATGG  
 GAATCTGAAAACGCATTAGGGCACAAGAGAGATTAGGTGAGGAACATCC  
 GGGTCCCTCTAGAGCAGCTGCGTCACCTCACCCATAACCGTGCGGTGGC  
 ACTGGGAGGGGACAGCAGCTGCTGAGGACATCAGGTACACTGGGGGG  
 CTTCAGAGCCTGTGGAGTTGGATTATGCCCTAACAGAGAGGGCGAGGCCA  
 GCACAGCCCAGGCACCTGCAGCTGCATCTGTGGTGGAGGCCATAGAGG  
 GGACAATGCTGTCCTGTGGCACTCTCAGGCTGGGACACGGCTCGGGG  
 TGGCCCTCAGCACCCAGGGACAAGTCTGGGACACACAGCCATGCTGGG  
 GGACCCACAGGAGGGACACGTTACCGCAGACCCAGCTGACGGCGTC  
 ACGGGCTGACGGAAAGGCCAAGCGAAGTGGCTTCCACAGGGCTTCT  
 CACCACTTGTGCAAGGTACTGCAGCTGGTGGTGAACCCGGCCGGGTTT  
 TGGGGTCTGAGACCTCTGGCGAGGGGGTTCGCTGGGGGTCTGTAGG  
 GCCGGCACCGAGGCCATGGTGGGCTCTGAAGCCCTCGTAAAGCAGCGA  
 GGGTTGCGGATGCGTTGCCGGGTCGATTCCGTCGCCAAACCCATAA  
 GCCCGGCATTCCCTCCCCAGAACATCTGCAAGGGAGCAAAAGACAACAT  
 CAGCAAGGATGGGCCAGCGTTCCACCAAGGTGACAAGAACAGCTC

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 47

AAAAAAAGGCAAAAAAGTAATCAAAAAAGGAAGGTTGGAGCAAACAAA  
 GAGTCAGTGCAGGGGGTGCACATCAGGGCCAGCAGTTCACCACTCGGG  
 GTACGACAGCCTGCACATACAGCATGACAAGGCAGCACCCAAACACTGTGG  
 CCCTCAGCTGGATAACACAACAGTGGGCTCAAATGTCTGGGACGGGGC  
 AGAATTATTTAAGTGGGAAAATGAGGATTAAGCAGCTGGGAGAGGTGG  
 GATGTCTGCAGCGTGAGGAGAATTGTCAACGGGAAAATACGGTGAATGT  
 CGAGCACTGGGCTGCTTCAGGCAGCTCCAGGGTGTCCCCATCCT  
 GCCAAGGACGTGGTGGGAATGACAAGGAAGGAAGGTGACAGAAGGACACA  
 GCGGCCCCAGTAGTGGCGGTACAGGGTGGGAGGACACGGTGAGACCCCTC  
 AGCATGGTGCAGTGTCCCCGAAAGCAGCTCAGTCAGCAGAGGTGGCAGC  
 AGGGCCCTAAGGGCCCTGTGATGCTGACCCCAAGGACAGGGTATGAG  
 GAGTGGATAAATGGGGTGGCCCAGACAGGATCCATGGGAAAACAGGGCT  
 GCCAGGTTCCCTGTAGGATCTGTGCCCCATCCCTGACAGAATTACA  
 TGGACCACGGGGCTGCCAGTCCCAACATCCCTGAAGGACCCACAGAAAT  
 GGGAAAGTGGATAAATGGGAACAAGCAGCAGATCAATGGGACTCAGTGACC  
 CCAAACCTCAGAGCTCTGTGACAGAAAAGCCCCATAACTCTGGTGGACATC  
 CACACTGCACCCCTAATCCCTGGCAATGAAGGGATAGCAGCAGGGAACCA  
 CTGTGTCCTGTATCTGACCCCAAGAATCCATGGAGATGGGAATGG  
 ATAAATAGGGATGGCTCTGTAGAATCCGGTCCCATTCCTCAAATAAT  
 CCATGGGAATGGCACTGTTGGATGCATGGCCTTGAGTCCCTGTCCCTAAA  
 AATCTGTAGGAATGACTCTGTGCTATGCACCTCCCCGTGTCCTGTTAGG  
 ATCCATGGGACAGCAGGCTGCCAGGTCCCTGTATGATCCACAGCCCTA  
 AAAGCAGCTTGGTCAACAAATGGGAGGGACAGCGGGTCCCTAAAGAGCG  
 CCAGGTCGCCATGTCCCTGTCCCAAAGGACCCACAGGTACAAGGAACGA  
 ATAAACAGAGACAAGGAGCACTCAGTGGGATACAACGTATGTCAGGTGCA  
 GAGCCTTGAACACAGAAGCCCCATCTCCCCATAGGATTAGGATTCAGGTCCCCAT  
 GCCCTGTTGGAACCATGGGACAGGGAGGCTGATGGATTCCCTGCAGGA  
 CTGAGTTCCGTGTCCTGACCCCGAAGAATCGATGGGACAGAGAGTAG  
 ATAAACAGCGATAGCCCTATAAGATCCAGGTCCCCGCTCCCTGTCAGGA  
 TCCGTGGGACCGTGGGCTGCCAGGTCCCCACGTCCCCGTCAGCA  
 ATCGATCCACGGGATGAGGAACACATAAACGAGGACAACCAGCATAACAA  
 ACGAGATCCAACCGGCCCCGGGTGGAGCACCAGGGACGGCAGCCCCATA  
 CCGCCGTCCCCGCAACGCCATCCCCGGTTATAACTGCCAACACCCC  
 ACAGCCCCCCCCGGCCCCATTCCCTGCCCTCATCACCTACTTGCTCTGG  
 GGATTACATTCTGCAGCATGCCGGCGCTGCGTCCCAGGCTGGCTCC  
 CGGCCCTCCTCCTCCACCTCCTCCCCGCCGCCCTCCTCCAGTCC  
 CCCCCACTTGCACCCGAGCAGCGCCGTTAAGGCAGCGGCCCTGGCC  
 GGGCATGAGGCCGGCTCCGGCCGGGCCCCGCCGCCGCGCCCTCACATCA  
 GCGGAGAAAATGGCGGGGGCCTGGATGGAGAGGGGGGACCTTCCGTGCT  
 CTCCGCTGCGCACAGAACCGCCGCGACGCCGCGATATAGAGCCGGAA  
 AGCCGGTAGGAACGGATAGATCCTCGGAAGGACGGTGTGAGGCCGGATGG  
 AAGGCAGACAGGGCGGATGGAGGCGGATGGTTCAAGCAGGGAGGGCTCCA  
 TCTTGGCTCGTAGGCCCGAAGAGGAATCGGTGCCGGCGCAGGCAG  
 GGGTCGCTACGGAGGCCGGGAGGGTCCGGTGGAGGATGGAGGCCGGATTGGGCG  
 AAGGCAGGGGCTGGGCCCGCCGGTGGAGGATGGAGGCCGGATTGGGCG  
 CCCCCCAGCGCGGCCGAGCCCAGCCGACCGTCCCTCGTCCCCACGA  
 AATGGCGCCGCTGGCCTGCCCGGCCCTTATATAGACACCCACTG  
 GGTGCTGATTGGTGGTGGACGCCGTGACGTGAGCCACCCGCTGCA  
 GCCCTGCCGCTGCCTATTGGACGGCGGTGCTCACCGCGCAGCGCTCCTC  
 TTGGCCGCCCGCACGCCACTCACCCGCCGCTCCCCCGCCCTTC  
 GCCCGGTACTGCCACGGTCAATTGGTGGCTGCCATTCCCGCGCG  
 ATTGGCCACCAACGGATCACGTGAGGGCGGGCTGTTGGCTGTTGTGCG  
 CGCGCGAAGGTGCAGAGGGAGGGGAGGGCTAAGGCGGGCGTCGCCATT  
 TGTGTGGCGGGGGCAACGGGCGGGCTCCGGGGGTTCGGACCCCTCC  
 GCCCAAAGGCTCTAGGGGGCTACAGAGACCCAGTCAGTCACTACGGG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 48

86/110

E1REV.txt

GCTCGTGAGGCTCTCCAGCCGACAGCGGCCATCGGGCAGCGGAGCCGCG  
 GCGGTCCCGAGCCGCGGCTGAGCTGTGGTGAGGTAGTGAAGCTGGGTCC  
 CGGGGATCCTGAAGGGTCTGAGGTAATCGCGGCCCTCAGCGCGGTCCCCG  
 GGGCCTTCAGTGCCACCCCACGGTGGTACTGGGGCCCTCAGACCGTCCCC  
 TCCCCCACTGCCACGGCGATCCGGAGGGGGGGGGTCCGAGGCGCCCCGT  
 GTCTATTCCGGAGGTGCTCTGTGCTCTTCTTCCCCACGGCAATTCTGGAGG  
 GCTCACAGCTACTCCAGAGCAGCCCCATAACCGTCTGGGGCCTCACTA  
 CCACCCCTACAGCAACTCAGAGCCTCCCCCACCCCCCAAAAAAAACAATC  
 CTGGAATCCCCAAGGCCATCCCACACCAACGCTGAAGGTCTCAAAGCCCC  
 CCCTCCCCACACACACCGGTTCTAGGGTCTCAGAACCCACAGCA  
 ATCCCTGGGACGTTCACAGCCCCCTCCGTAGTAATCTTCTAGTTCTCAAG  
 GCCAACCCGTAGCACGGGGGCCTCCGTGCCTCCCCCTCGTGGCAATCCT  
 GGGGGCTCAGTGCACCTCACAGGAATTTCGGGTGCTCAGAACCTCTG  
 CAAAGCAATCCTGGGTCTCGAGGCCACCCACCCGATCTCAGGGTGC  
 TCAATGCCACCCCACAGCTGCCACCCCCACAGCCAATCCCAGGGTGC  
 AACCTCTGAGAAACTCAGTGCACCCCCACAGCCAATCCCAGGGTGC  
 TGCCCTCTCAAAGCTCCACCCCAATCCGGGGGTGTTCAATGCCACCCCA  
 CAACCCCCCTCAAAGCACTCCTGGATAACCCACGGACACCCAACGCC  
 AAAACAAATCCCAGGGCGCTCAATGGAACCTCCCGCGCAACCTCGGGCTG  
 CCCCCACGCCCTCCAACCTCAAGCACGACCCAGAGACCCCCCTTTCTCC  
 CAACCCCTCCGGCCACACGCCAAGGCTCTCAAAGACCCCCCCCCAGC  
 GATCCCGGACCGAACAGGGTTGGGGTCCCCCAGGGCGTCCCGGT  
 GCCGCCCCCCCGCCCGGTGACACAGCACTTGGATCCCCGCGGACCCCC  
 CCCCCGCCGCCGCCGGCGAACACCCAAACATGGCGCTTTCGCCCCA  
 AAAGGCCGGGACAAAGCGGCCGCCCCATTGGTCGTCTGCCGCCGTC  
 CTCGCTTCCATTGGCCCTTCGACGGCGGAGGGCGGAACAGATTGA  
 TGGACAGCTCATGCTCACGTGCTCTCCCCCCCCGATTGGTCTTTT  
 GTTAAAAAAATAAAATATAAAAAAGGGCGAAGTTGCCAC  
 GTCACTCACCTGAGCCGCTCCCACGCAGGGCACGACCCCCAACCGATA  
 TCATCCTCGCGTCGCCCCCTTAAAGCCCCGTTTTGGGGAAAAAAATCAA  
 AAAAACATCCCAGGGCAGAAAAGGAGCCACGGCCTACGTAGCTGCAC  
 CGTGATTGGCCACCCGCCGTACGTGACGGCCCCCGGCCACTCGACGGC  
 CCCATTGAGCCGGGGCTCCGGGGTCTATGCCGCTCCGG  
 GGGGGTGTGGCGCGATGCCAGTGCAAGGGGGATGTGGTGGGGGAGG  
 GAGGGGTGGGCTGTGGGATGCCGGTGTGCTGGGGGCTGCTGTAGG  
 GTTGCGATTGGCAGGGATGCAAGGCTACGGCATTGTAAG  
 TGTGCATCTGTAGGGCCCTGGCATTGCAAGTGTGCACCTATGGGAGTG  
 CCCGGCATTGCAAGGGTGCACCTCTGGACCGTTGTCAATTGCAAAGGGT  
 GCAGCTGTGGTGGTAATGGCATTGCAAGGGTGTATCTATGGGAGTGTAC  
 AGCATTGCAAGGGCGCACCTATGGGTGTGCTGGCATTGCATGCAC  
 GTGTGGGATGTATGGCACTGGGGGGTGCACCAAGTGGGGTGTGG  
 TTGCAAGGGTGTGGCTATAGCAGTGCCTGGCATTGCAAGGGTGCAC  
 GGATGCGTACGGCATTGCAAGGGGTGCAGCTGCCGGCATTGCAAGGGCG  
 AACCCGCCGTACGGTTGTGCAAGCGCTCCAGCTCGAGGGCGCATGCA  
 GTGCGGTGCGATTGCAAGTGCAGGAGCCACTGTCAGGGTGTACAGTCA  
 CGCCCCGAGGATGTCCCCTCGGCTCCAAACCCAAAACCCACGCTTATT  
 ACCCCCCAAAACATACTTTACACACAAGACACATTTCACCATCAAAC  
 CTCACGCTTTCCCCAAAATCCCTCACAAAAACAAAATCCGCCCGTGA  
 TGAGACACCCAGAGATCTACGGAGCCTACTCGTCCCTGCTTCAATT  
 TAGAGCTGCTTATTAATTGCTGCGGGGGTCAAGCGCCTATTACAGCGT  
 CGGGGCTCCCCGCTAGTTCTTCTATCTAGTAACAAGTGAAGCGAAGGTAA  
 CTGCGGAGCGCGGCCATTGGTGTGAGCCGACGATCATCTCTGTCAACAGC  
 GCTGGTGTCCCCGAGATCTGTTCTGCTAGCAACCGATGACCGTAA  
 GCCGCGAGGCACGGCCATTGGCTAAACTGGTTGGGTAGCAGAGGGATG  
 GGGGCTGCGAGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
**FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)**

FIGURE 10

SUITE 49

87/110

E1REV.txt

CCTGGGGAGCGTCAGAGCCGGTAGGGGACGAGGGCGGGGGCGGTATGGG  
TGGGCACGGGGTAGTGCAGGGGTGTCCAAGATGTGTGCATGGGGAGTGC  
AAGGGGCTGTGCAAGGAGTGAATGATGCACTGGGGCAAGGGGTGGGCATG  
CACTGGGGCAAGAAGTTGTGCAAGGGGTGTTGTGCATTGATGCAAGGGG  
AGGATGAGCAGGACTGTGTTGCATGCATGCAGGGGGTTGTGCATGGTGT  
GATTAGTGCATTAGTGCAGCAGGGTTGAGTGTGAGATGTGGAGTGTGTG  
AGTTGTGAAAGGGTTGCCATGCACGAGCTGATGTGCCTCAGTGAGCGTG  
CACGCAGCCTGCAGAGTGGGTACACCTGCAACGAGCATGCATGCAGCAGA  
TGTGTCATGCACAGTGTGTGCCTGGTGTGTCCTGGTGTGTCCTGGTGT  
GCCCTGTCTGTGCCTGCAGAGCCATCGCTGCACACTCTGTCTGAGGTGCT  
CTTCTGCCAGCCGGACACGCCGCTCGCTGGGCTGTCAGTGCCCTTCGACT  
CAGAGCAGCTCTCTCATTCGATGTCCTGGGCAACTCGCAGTGCTGCCGAG  
CTCCCCGATGGCCCCCTCGTGGGCCGAGACATCGAGCAGCCCCACGAGCT  
GCTGCACGACGCCGCGCTGTGCCGTGAGCTGCTGATTTGCTCACCAAGAA  
TCGCCACCGGGCAAACCCAAATGCCATGCTGAAGCCAAGGGTGGGTGCTGCTG  
CCCCGCTATGACCCCAGTGTGGTCCCCAGCCGTGTGTTCCAGTGTGATG  
CTGACCCCCAATGGACATCCCCAGTGTGATGCATCCCCATTGATGATGCATCCC  
CACAGACATCCCCATTGATGTCCTGGGCAACTCGCAGTGCTGAGGTGCTG  
TCCCCAATTGATCCTGTTCCAAATGATGTCCTGGGCAACTGACATCCCCA  
TTGATGCTGTCCTGTTGAAGTTGTCTCGATTGATGTCATCCCCATTGATGATG  
TGGTCCCAATGGACATCCCCAGTGTGATGTCCTGGGCAACTGATGTCCTG  
CATTGATGCATCCCCAATTGGTTATTCCCCATTGATGTTCTCAGTGGATA  
ATGTCCTCACTGATGTCATCCCCAGTAAATGCTGTCCTGGGCAACTGATGTC  
CCCAATGATCCTGTCCTGGGCAACTGATGTCCTGGGCAACTGATGTC  
GATGCTATCCCCAAGCATGTCCTGACTGATGTCCTGGGCAACTGATGTC  
GTTCCCAGTGTGTCCTGGGCAACAATATGACCTCACTGATGTCCTG  
TTGATGCAATCCCCAATGATGCATCCCCAACATGTCATCCCCATTGATGAT  
TTCCTCAATATGATGTCCTGGGCAACTGATGTCATCCCCATTGACACTC  
CCACCGACGCATTCCACCAGTGTGTCCTGGGCAACTGATGTCCTGGGCA  
GTGTCCTGGGCAACTGATGTCCTGGGCAACTGATGTCCTGGGCAACTGAT  
CCTGCAGCAGCCTCTGCAGCTCGGCTACCCAAACACTGATGTC  
TGGGCAACATCTCCCCCAGCCATCACTACAGTGGCAGCGGGATGGC  
ATCCCCGTACCGATGGCGTACCCACCTCACCTACACCCCCACCGAGGA  
CCTGGGCTTCATGCCTCTCCTACCTGGCGGTGACACCGCACTCTGGT  
ACATCTATGCCTGCATTGTCACCCCGCAGAGGGACAACATCTGTGGT  
GCTTACTGGGGTAGTGGGGATGTGGGGCATGCTTTGTGTCCTGGCAG  
CGGTGGCTGATGGGGCGGGTGGTGGGAGCAATGCTTTGTGTCCTGGCAG  
TGCCACAGGACCCCATTCCCTCGGACGTGTTGGCACGGCGGTGTGCGGC  
GCAGTGACGGCGCTGGGCACTCTGCTGGCACTGCTGGGTTGGGCTGCT  
GCTGTCGCCCGCCGGCGCAGTATGTTGGGACAATGGAGACAGCAGGGAC  
ACCCGCCCGTACTCACTGATGTCCTGGGCAACTGATGTCCTGGTGTGG  
GAACGGTGTGGTGTGTAATTAAAGCCCTCATTTGACGGCGGTGTG  
TTGTTGTCCCCACTCCGGGAAGGGTGGCAATTAAATGGGGTTGGGCATTG  
TCCCCATGGCCCCAGGTGGCAAAGTCTGATCCCATTGACCCGGGCAATTG  
GTGACGTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAAGGAGTAGGAGGAGGTGA  
AGGTGGCACGGAGGGATGAAGGCAGCAGTGCTCCTGATGGGGCAAGGG  
GTTTCAGGGTGTGGGGCAAGTGTGGGGTTTTGGGTTGAAGCATGGGGTTT  
GGTAGGATGTGGGGAAAGTGTGGGGTTTTGGGTTGAAGCATGGGGTTT  
AGGGTGCACACATGGGCTTCTGGGTGCAACATGTGGGTTGGGGTGTGCA  
GCATGGGGTTTTAGGGATGCAGTGTGAGTTTGGGTTGCAAAATGGAG  
TTTTGGGGTGCACAGTGGGTTGGGGTGCAGTATAAGTTTGGGTT  
CAACATGGGGTTTATGGTACAGCAGGGCTTGGGTTGAAGCATGGGGT  
GCTGCATGTATGCATAGTGCACACATGGGTTCTGGTGTGAGTGTGA  
GTTTTAGGGTACAGAGTGGGGTTGGGTTAGGGTGCAGTGTGA  
GTGCAGAATGATTAGGGTACAACATGGGTTAGGGTGCAGGACACA

FIGURE 10

SUITE 50

88/110  
E1REV.txt

GGGCTTGGGCACAGCCCCAGTGTGCCCCCTCCCCATCCCCCAACGC  
AGGCGCCCTCGTGGTGCACATGGCCAGCTCCTGCCACTGCTGGCCAATG  
GCTCCCTGGGCAGCTCGACCTCACCATGGCCCTCAACAAGAACCCCTCTG  
CTGTGCTACGACCCCGACGTCCACCGCTTCTACCCCTGCGATTGGGGCT  
GCTGCACACCGTTGCCACTTTGCTGCCGCCATCCTAAATGATGATACCA  
CATGGGTGCAGCGTGCAGAGGCACGCAGGCAGGCAGGCTGCACTGAGCTGGCT  
GCACAGTTCTGGACACACACAGCACTGCGCAGGAGTGAGCACCCTGCAT  
GCAAGTGGAGCATTGCAAACACGGGACGTTGCATGGGGTGTGCATGGG  
GGTGTGCAATGGGTGATGCACAGCCGGTATTGCATGAGACGCTGCAC  
GGGGATGTTGCAAAGGGAACTGCATGGGACATCGCACAGCAGGTTGAAT  
GGGATGTTGCATGGGACTTTGCAAGGGAACTTGCACAGAGCATTGCAG  
GGGATCCACGCAAGGAATTGCATAGGGAAATGCACAGAGATGTTGCCTGG  
GAATGCTGCATGGGTATTGCATGAGGAACTGAGAGAGACATTGCACAA  
GGAAATGCAAAGGGGCATCACTAGGGGACATGGCATGGGCATTCTAGGG  
AGCATTGCATGGGACATTGCAAAGGGAAATGCAAAGGGACATTGCATGGG  
GACATTGCAAACAAATTGAGTGGGAGATTGCACCCGGATGTTGCATGGG  
ACATTGCATGGAATGTCACCAACCACCTGCAGGGTACACTGGGACC  
ATCCCCAGCTCTGACCATCCCCCTTGTGCAGCACCCAGGTCC  
CATCGTCCCCATCCCCATCTCAAACGACCCGACACCGTCCACCTCATCT  
GCCATGTTGGGCTTCTACCCACCCGAGTGCACCATCCAGTGGCTGCAC  
AACGGCCTCGTGGTGGCCTCAGGTGACACCAAACGTGTGCCAACGGGA  
CTGGACCTACAGGACACAGGTGGCCTGAGGGCCAGCAGTCAGCAGGGA  
GCACCTACACATGCTCAGTGTGGCACTCCAGCCTGGAGCAGCCGCTGCAG  
GAGGACTGGAGTGAAGTTGGGATGGGATGTTGAGCACCACACAG  
TCCCCCACGGCTCATTGTGCCACGCTGTCCCCACAGGTCCAATTGTC  
CCCCGGCGATGATGGTGAAGGTGGCAGTGGCGGCCATGGCGCTGACGTTGG  
GGTGGTGGCACTCAGCGCCGGGTTTCAGCTTCTGTCAGGGCACCG  
GGTGGGAGTGGGATGTTGCTGGGACATGTTGACACCGAGGGTCT  
GGTGTCCAGTGTGGGTTGACCTCTCATTCATCATCTCTGTTGGCAG  
CTCCTGGCGCTGGTCCCAGTCCCCGTCTGATGCGGGTTCTCACTCCAAAT  
CCTGGTCCCCAAATGATCCGGTCAAAGTTCTGGTCCCCATCCAGTCC  
TGGTCCCCATTCTGGTCTTGGTCTGGTCTGGTCTGCTCTGGTCC  
ATCCCCTGACTCTGGTCCCCTGGTCTGGTCTGGTCTGGTCTGGTCC  
TCCCCATCTGGTCTGCTCTGGTCTGGTCTGGTCTGGTCTGGTCTGG  
CCCCATGTCACATGGGACCCACAGTTGGGATGAGGGCTCTACCC  
CCAATAAAACATCTGCAGCCCCAACCTCGCTCAAATTCTCGTCCCCA  
CGTGGGTTGGGTGGGCTCCAGTGTCTCCAGTGTCTCCAGCCGTCTATG  
TCCCGTAAGCGTCGGCTCCACTGCATTCTGCTCCGTGCTCTCCG  
ACCACGGCGCCGCCCTGATGGCTGCTCCGTGCTCTCCG  
GTCCGTGAAGGGGGGATGTTGGGAGGGAGCTGAGGGCCGCC  
TCCCCCCCCCGCTCCCCCTCCGCATGTTGGCTATTGGGCTGCTGC  
TGGGAGCGCGGGGGCAGGTGGGGTTGGGTTGGGTTGGG  
CTCTGCCTAATGAAACTCTGGGGGGGGACGTGGGGTCTCTGCTTTA  
TGGGACTGTGTGGCGGGCTTGAAGGGCTCTGCTTACGGCGCTGGG  
TGGGTTCTGGGAAGACTGTGTCTATGGGATCATGGTAGGGCTTGGGG  
GGCTCTGCTTAATGGCACTGTGTGGAGGGACATTGGGGTCTCAGCCTA  
TAGGACGTTGGGATGATTGTGGGGTCTCAGCCTTGAATATTGAGG  
ACACTCTGGGTGGTGGTCTGAGCCCTTAGGGCCCCCAGGGAGGGCTT  
GGTGGGCTCAGCCTTTGGGATACTGGGCTCTTGTGGGAGGGCTC  
AACTTTATGGGATGTTGCAAAGAGTTGGAGGGGTCTCAGCTCTGAGGG  
ATATTGGGACAATTGGGGATCTCAGCCTTGGAACTCAATGGAGGA  
TTTGGAGTGTGAGGACTCAGCCTTGGGTTGCTGGGTATGATT  
GGGGATGCTCAGCCTTATGGAATGGTGGGGACACTTGTGGGAGCTCAG  
CTCTGTGGGATATTGGGCCACTTGGGGAGTCTCAACCTT  
CCAGGGAGGG  
REPLACEMENT  
REG 126  
CAGCTC

FIGURE 10

SUITE 51

89/110

E1REV.txt

GATGTTATGTCCCCATGGGGACCTCTGGGGCTCCAATGGGATGAGGT  
 CGCTGCCAGCACTGCCATCTCCCTCTGTCCCCAATGCAGGTGCCTTC  
 ATGGTGCATGTGGCCAACCTCTGCTCACTGGCAGCCAATGGCTCTGCG  
 GGGCTCGACCTCACCGTGGCCTCAACAAGAACCCCTGGTGTGCTACG  
 ACCCCGATGGCCACCTCTCAACGCCTGCGACTGGGGCTGCTGCACGGC  
 GTGGCTGGACAGATTGCCATTGCCCTCAACAATGACAGCACCTGGGTGCA  
 GCGTGCAGAGGCACGGAGACGGGCGTGCAGCAAATGGCTGCACAGTTCT  
 GGGCACAGACGGCGTGCAGGAGTGAGCATTGCAAATGGGCTGTTGC  
 ACGGGGCGTTGCGTGGGATGATGTTGCATGGGCATTGCATGGAGATGA  
 TGGTGCATGGGTGTTGCATGGGACATTGCATGGGCATTGCATGAAGA  
 TGGTGCATGGGCGTGCATGGGATGTTGCATGAAGATGTGTAGCA  
 ATGATGCATGGGCATTCCATGGGACGCTGCATGAGGGTGTGTTAGC  
 AATGATGCATGGGTGCTGCATGGGATGTTGCATGGAGATATTGCATGG  
 GGCATTGCATGGGTGATCCATGCAGCGTACATGGGTTCTCAAGCAG  
 GGGGATGTTGCATGAAAAGTTGCATGGAAAATTGCACAGAGGTGTTGCA  
 AAGCATATGCATGGGATGTTGATGGAGGATTGACGGGTGGCTTGAAG  
 AACATTCTGCATGGGCATTGCTTAAGGGTCCAAGCATTGGGATGCTGC  
 AAGGAAATGCTGCTGCTGGCTGCAGAGTGAGTGTGCAATTGGAGTT  
 GCTTCAGGAGATGTTGCATGGCATATCATGCACTGGCAGAGCACA  
 TTGCATTGCACATTGCACACTGCACAGAGCAGTGCACTGGCATTCCCA  
 GCGTGTGGCACAACGCTGTTGCAAAGGACATCCCACGGAGGTGTCAGCA  
 AACAAATGCGCAGAGCTGCAACAGAACGTGGGATATCCCATTGGGATGTC  
 CACAGAGCATTGCGTGGGAATCCTACAGGGAAAGTGAGATGGGAAGTTG  
 CACAGAGCGTTGCAAGGGTATTGACAGAGGGAACTTGCAGAGAATGGG  
 GCAGGAACCGTCCCATCCCTGCTGCTCACCATCCCTGTCCTCA  
 GCTCAGCCCCAGGTCCGCATCGTCCCCGCACAGACAGGGAAACCCAGCGT  
 GCCCATCCGCCTCACCTGCCACGTGTGGGCTTCTACCCCCCGAGGTGA  
 CCATCATCTGGCTGCACAAATGGGACATCGTGGGACCTGGAGACCACTCA  
 CCCATGTTGCCATCCCCAATGGGAACTGGACCTACCAGACACAGGTGGC  
 CCTCTGGTGGCCCAGAGGTGGGGACACCTACACGTGCTCGTGCAGC  
 ATGCTAGCTGGAGGAGCCCCTGGAGGACTGGCGTGAGTTGGGATCA  
 AGGGGGTGCACAGGGACAGCGGTGCTGGACTGCTGTCAGTGTGGCTGT  
 GTCCCTGCAGGTCTGGGCTGACGCTGGAGGTGACGCTGATGGTGGCTGT  
 GGCCACTGTAGTGATGGTGTGGGCTCAGCTGCTCTCATTGGTGTCT  
 ACTGCTGGCGGGCCAACCCCTGCCCAAGGTGGGTGCTTGAGAGGGACC  
 CTATGGGCTCCATGGACCTCTAAGGGTCTCTGTCTGGTCTATGGGT  
 CTCTGGGTTGCTGTGAATCTTCTTCTGTGGGCTCTGTGGGTCTATGGGT  
 CTGTTGATCCCTATGGGTTGCTGTGGGCTCTGTGGGTCTATGGTC  
 CTTCTGTTGGCCTCTGTGAGGTCTCTATTGTCATGCATCCCTTGG  
 ATCTCTATGGGTCTCTGCCGGTCATTACGTGTCATGGGATGTGACC  
 ATTTTGACAAGAACCCACTCACCCCTCCTATTCCCCAACAGGTTACG  
 CCCGCTTCCGGTCACAACCTACCCCTCAGGTAACAGTGTCCCCAAACTG  
 TCCCTGTCCCCATTGCCATCAATGAGGGCTGAGTGACCCCATCTCACC  
 CCATGTCCCTGCAGGCAGCATCTGATGGACACCTCTGTCACCAACTGTC  
 CCTGCGTGTCCCCATCCCTGACTCTGCGCCGTGGTGTGACATTAAAGAC  
 ACTCTGCAGCCTCTGTTGGTGTCTCTGTGGGCTTTGGGTGGGTGGT  
 TCACGGGGAGAGGTGGGTTGGGTCAATTGCACTGATGGTGTGTT  
 GATTGACATTGTCACAGGGAGATGTCAGGGCCTGTGGGTCTGTGTT  
 TTAGGGCCAGTTCTGCTCAGTGCCTCCGTAAGTGATCTGGATAGGTC  
 AGTCATCCTAATTAGGAGGGACAACAGTGAAATGGGAGGAGCCGATGA  
 CTCAGGCTGGGAGTGGTGAATCCCAGAGGTTCTGTGTCAGTGACTC  
 CGTCTTTCGCTTCTGCTCACAAACCTGAGGGAGCGCATTCTGCCTGGCG  
 CCCGATGACGTACATAAACCCCCGACTGCCATTGGCGGAGAGGGCAGGG  
 AGGAGCCAATGGGGCGGGGGCGGGGAGAGGAGTACGAAAAGCTGAAG  
 GAGCTGCGCTGGGTGCGGGGACTTGAGAGTGAGCGTGTGAGGGCGATG

FIGURE 10

SUITE 52

90/110  
E1REV.txt

GGGCCGTGCGGGGGCGCTGGGCCTGGGCTGCTGCTGCCGCCGTGTGC  
GGCGGCGGCCGGTGAATGCGGCCGGACCGGGACCCCTCCCCGCCGTAA  
CCCACCCCGGGCTGTGCCCGTGGGATCCTCAGACCCCCACCCGCCGGCT  
ACGGCCTCGCTCGCCTCCGCCCGCAGAGCTCATTCCCTGCGGTACGT  
CCATACGGCGATGACGGATCCCGCCCGGCTGCCGTGGTCTGGACG  
TGGGGTACGTGGACGGGAACCTCTCGTGCACATAAACAGCACCGCG  
AGGTACGTGCCCGCACCAGTGATGGCGGCCAACACGGACCAGCAGTA  
CTGGGATGGACAGACGCAGATCGGACAGGGCAATGAGCGGAGTGTGGAAG  
TGAGCTTGAACACACTGCAGGAACGATACAACAGACCGGGCTGAGCAC  
GGCGGGGGCCGCGCTCCGTGGGTGTGGGATGGCTCCATGGCGCAGTGC  
CGCCACACCCCCCAGGCCTGGCCCTGCCCGCGCACCGTCCCAGGGCT  
GCCCGTACAGCCCCACCGCGCTCGGGTGCAGCCTCCGGGGGACCC  
AACCCATCCCCGCTGCAGTGGGAGCCCGAGCCGGAGGGGCCCCCTACC  
CCCTGCCCGGTGTGTTCAAGGTCTCACACGGTGCAGCTGATGTACGGC  
TGTGACATCCTCGAGGGATGGCACCATCCGGGGTATCATCAGACAGCCTA  
CGATGGGAGAGACTTCATTGCCCTCGACAAAGGCACGATGACGTTACTG  
CGGCAGTTCCAGAGGCAGTTCCCACCAAGAGGAATGGGAGGAAGGAGGT  
GTTGCTGAGAGGTGGAAGAGTTACCTGGAGGAAACCTGCGTGGAGGGCT  
GCGGAGATATGTGGAATACGGGAAGGCTGAGCTGGCAGGAGGGTGA  
GGGGTCGGGGTGGGGGGGGGGGGGGCGGACGCAGTGTGGGCTGGACGT  
GGGGCGGGGGCTCATCGTGGGAGCTCAGCCCGCCCTCACTGCCGCCA  
CCCACAGAGCGGCCCTGAGGTGCAGTGTGGGGAGGGAGGCTGACGGGAT  
CCTGACCTTGTCCCTGCCCGCTCACGGCTTCTACCCGCCCATGCCG  
TCAGCTGGCTGAAGGACGGCGCGTGCAGGACGCCAGTGGGG  
GGCATCGTCCCCAACGGCACGGCACCTACCAACCTGGTCACCATCGA  
TGCAGCCGGGGGACGGGACAAGTACCAAGTGCAGGAGGAGGAGCAGCCA  
GCCTGCCCGAGCCCAGCTACTCGTGGGGTGAATGGGGATGTGGGG  
CTGGGGGCTGCCGTGCCCTTCCCTGCTGATGCCCGCTCTCCCC  
CAGAGCCGCCACAGCCAACCTGGTGCAGGAGGGGAGGGCAGTGGGGCTGTA  
GCCATTGTGGCCATGCCATCGTGGTTGGTGTGGATTCACTCATCTACAG  
ACGCCACGCAGGTAAAAGCAGAGGGGAGGGCAGTGGGGCTGTA  
GGGGGATCTGGTCCCCCTTGGGAGCCCCAACCTGGTGTGATGTGAAC  
CTGTGATGAAGCATCTCTGTCTGCAGGGAGAAGGGGAGGGCTACAA  
CATCGGCCCGGTGAGTGTGAGGGCAGCGCTGCCCCCACCTCTGCCA  
GTGCCAGGGTGGTCTGGGTCCCTGCTTCTCCCAAGGTACCCATTCT  
GGTGCCTGGGGCTGCTCATGCCCATAGGGAGCACAGGGCTGGATCTCA  
CAGCTGTTCTCCCTATAGACAGGGAGGGTGGATCCAGCAGCTGAGCA  
CAGGTGCGGTGTGGGCTGTGGGTTGGAGGGGTCCTGTGCTCTGTG  
GTACTGCCAGGGCTGGCTATGCTGGGCTCTGCCAGGGAGACCCCGGA  
GCAGAGGGTGGGATGTGAACCTGCCCGTGGGACATCATCCCTCTCA  
TCCCCACAGGGAGCAACCCGCCATCTGAGTGTGCTTCAGCCTGCAA  
GGAGCCAACAGTCCACACCAGCATTGGGTGGTGTGGACACAGCCCC  
ATCCTCTGACCTCTCACATCTCATTGCTTCTATGCTGACTGTTATG  
CTTGCCCTGACTGCTTCTGTAAATAATGATGGCCATTCTGTGCT  
CAGCTGCCCTGCAATTCTGCACTGTGCTGTGGTTGGGATGGGGGGTGA  
GAGGACCGTGTCCCAGTTGGTGTCTCAGGGTGCAGATGTGGCCCTGTG  
TGAGTACCCACAGCCCTCCCCCTATCTGCCGTGCTCACTCCCCCTT  
CTGTACCCCACTCCCTCTCACCTCTCTGTGACCCATGCTGGTGGT  
TGCTTGCTCCCTGCTGCCAGAACTCTCATTTCCTAATGGCATCCCTG  
GGTGTGGGATGTGGTCTCCTGGTCTCAGGGTGCAGATGTGGCCCTGTG  
ATCCACCCCACTCCCCCCCCAGGTGTTGTGCTCCACAGCACTCCTATT  
CTCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCATCCAGCTGCCCTGCAATC  
CTCACCCCTGCCACACACAACCTTGCGCACTCCACCTCCCTCATCCC  
CCTTCCCCCAGCTCTCTGCTCCCTGCTGGCCCCCTCCCCCCCCCATT  
GTACCTA  
~~FIGURE 10  
SUITE 53~~  
~~FIGURE 26  
REPLACEMENT (FIGURE 26)~~ CAGCCGTCT

91/110

E1REV.txt

CCTGGTTATTCCCCCGATTGTTGTTGGGGCTCCGCTCTCAC  
 CCTGGGGGAAGGGCTCTGGGGTCCCTCATTCCTCCACTCTTAC  
 AGCACCGGGACTCCCGCGCTGAGATCCCATCACACCCGGGTACAAACATG  
 CGGCTTATTCCAGTTCTGTGTCACCCACCCCGGCCCTGGTGGCACTCAG  
 TGGCACCGCAGTCCATGCAGTGGCGTTGTGTGTCGTACAGCAGCGGTAC  
 CGCAGCGCGCCCGGCTCGGCATCCATGTGCCACGGCACAGCTCTGTGG  
 TCCCTTGTGCTGCCCGGTGTCACCCACCTCCACCCCTCAGTGTCCCCAAC  
 GCGCAGTGTCCCCATCCCACATCTACCAACCCCTGCCCTCCCCATCCAT  
 AACTCCCCTATCCCTCTGTCACCCCTCCCCCGGTGTCCTCTGTTGTCCCC  
 AGTCCCAGAAGGCTGCCGGGCGCAGCACCTCGTGGGGGGTCCCTCC  
 TGCGCACCTCTCCCCCTCAGCACCAACCCGCTCTGCCCGGCCGC  
 CAGGGCTGCCCGCCCCGTACCATCAGCACTGCACGCCGACCCCTTGG  
 CTGCGAGGATCTCTGTCACCTGTGGGAGGAGAACCGGTAGGGGGAT  
 GTCCTCAGCCACTGCCAGGGACCGAGGGACACCAGGAGTGGAGATAAGGG  
 GACACAGAACAGGGGACCATGGGACCTAGGCGTGCAATCTGAGGGAAC  
 ACAGGGCTCAGGGGGATGTGGGACACGGGACGTGGGGGACATCCCACC  
 TGCTGCTGGCTCTCAGTGTCCAGGGCGCTGGTGTGTCGAGTATGAG  
 GATGCGGGGGTCCCGCAGCAGCACGGCAATGGCACCGCCTGCCGCT  
 GCCCCCCGGAGAGCTGTCTCCAACTCGCCCACCTCTGCCGGGACAGCG  
 GGGTCAGGCTGGGAGGGGACATGGAGGGGACCCGGAACAGAGAGGGGAC  
 AGCTTACCTGTGTCGTAGCCTGGGACAGCGAGTGAAGTCGTGAGC  
 ACCCACCTGGCGGGCGGCCGCTGTCACTGCCCGCTGCAGCCCCCA  
 ACCCATAGGAGATGTTGGCGTGGAGTGAGCAGGGCAAAGAGCAGCGCTCC  
 TG\$GGGACGACGCCACCTGCAGTGGGGGGACAGCTGGGACATGGCA  
 CGTGGCAGTGGAGGGCGTGGGATGGCTGGGATGTGTCAGGGACATCTG  
 GGGACATGGTGGGATGGTGGGACACAAGGATGGTGGGACTTGGCG  
 GGACACTGCAGGGACACAGTGGTATGGCAGAGACATCAGGGTGTGT  
 GGTGATGGCTGGGACCCAGATATCTGGTACTCAATGAGGATGGCTGT  
 GATATGCAAGAACACAGGGGACAACCAGGAGCCATGGGACATGTGGCT  
 GCTCACCTGGCGGACAGGTAGGAGTGTGGTAGGCAGGGGGGGGGGG  
 CATCCAGCAGCAGGGTCCGGCGTGGCTGGTGCAGGCGGGACACGAGG  
 GCCACCAGAGTGTCTTCCCTGCCCGGGGTCCAGCAGTGCACAGCAC  
 CTCCCCGGGGCGCAGCTCAGTGTACGCCCTGGGACACGGATGTCACA  
 CCCATGGTGTCCCTGTACCCACACCTCCATAGTCCCACGCCCTCTGCT  
 GTGTCCTTCTGTCCCTGTTCCCCCGACCCCTTGTGTTGTCACACC  
 TTTGGTACCATCTACATTCCCATGCCCTCCCCACCATGTCGTC  
 ACTCATCATGTCCCAGTGCCACAAACCCACCATGTGCCATGTC  
 CCTCAATACCATGATCTCATGTCCCTCTCCAGTGTCCCCATACC  
 TCCATGTATCTCCTGTTCATATCCTCACACCCCTGTCCATCACATCC  
 GTCCCTGAATCACCCCACTGTGCTCCACACCTGTACGCTGTCCCACCA  
 CACCCCCGGTGTCCCCCTGGCTGTGTCCTGTGCCACCTTGAGGACGGGTT  
 CCTGGCGCCCAAGGGTAGGAGAACAGACATCCTCCAGTGTGAAGGTGGCC  
 TGCAGGTCAAGGGCGCCATTGTCCCTGAGGGTGCAGCAGCTGTGGCT  
 GTCCAGGAACACTCAAAGATCTCTCGAAGAGCCCACAGCCTCATCAGTG  
 TGGGGAAAGTAGTCGAGCAGGACCTGGGACAGCGTAGTGTGACGTGGCAGG  
 AGGGCAAGGGCATGTGGCATGGTACATGGGACGCAGAGGACACAGTGG  
 GATTGGCATAGGGACAGGACGGGGTAGGTATGGGACAGAGGAGGTGACA  
 CAGGGATGTGGCAGGGGTACAGAGGGTTAGACGTGGGACACAGGGACA  
 TGGATGGCATGGGACACACTGCAGTGGCCTGGAGACACAGCAGGGAG  
 GATGTAGGAACACAGGGACACTGTGACACACTGTGACTGTGGCAGGGAGA  
 CATGGGACATGCCGATATGGCATCCTCTCAGGCTCACCTCCAGGACAT  
 CAGTGAACGTATCTGGTAGAGGAGGAAGGTGACGAGGTCCCCAGTGT  
 ACGGTCCCCCGCGGCCACCGCTGCCCTGGAGACACAGCAGGGAG  
 CAGGGCCAGGGCTGAGAAGACTGAGGATGCCATGAGGTCAACAGGGGACACC  
 TCCCCCTGGGACTCTGAGGAGGTCTGTTCT

FIGURE 10

SUITE 54

92/110

E1REV.txt

GTCAATGCCCCCTGTCCCAGTGTCCCACAGCTGTGCTATCTCTGTGCT  
ATGTCCCCCTCATGCCATCATGTTCCCAGTGTCTGGAGCCCCATGCCGC  
CCCATTCCCACGTCACTGCATCCTCTGCCAGAGCCCCCTGAACGTGTTG  
TGCCTGCTACATCCTGATGCCCCATGCCATCAAATCTATGTCCCACAGT  
CCCCATGCCATCATATTCCCAGACCTGCCATCTCCACACCAATTGGCC  
TCCAGCCCCGGTGGCATTCTGCCCCATCTCTGACATCTCAATTACATCA  
CGTCTCCACATCTCCCAGCCCTATCCCACCATGTCCCCATGCCAGT  
CCTATCCTATCATGTCCTCACATCCCCAGCCCCATCCATCACGTCCCC  
ATGCTATTGAGCCACCCATCCCACACCAACTGGTCCAGAGAGAGGCAG  
TGTAGAGGGCCACATCCTCTTCTCCAGGCGGTGGCTGTGCAAGGGCAG  
TGCGGTAGTGTGAGGCCACATCCTCATTGGCAAAGCTTCGCACAGT  
GGCCATGGCCTGGAAGGTCTCCACTGCCACCTCGCTGCCGGGCTGCG  
CCTTCTGCATCTGTTGCCAGGGCCTGGGACAGCAGTGTCAATTGCAGG  
GCGGGTGGGAAGGGATGGGGCTGGGGAGGGGACAGTGCATGTATGGAG  
GGAACAAAGAACACGTGGAGGGATGGAGGGACATAAAGGGACGGTGG  
GCATGTGGAGGTGACAGTGGGGCATGCAGAGAACAGAACCATGTGGAA  
GGGATAATGGTCACACATAGGGATAATGAGCACATGGCACGGATGGTGG  
ACGCATGGAAGGGCATGGGCACGTGGAGGGACAGCGGTACACAGAGG  
GGACAAACAGCAGGAGGATGGGGTACATGGAGGGACAGTGGCACATG  
GATAGGGCAATGAGTACATGGTGGTGCACACTGGGCACATGGAGGGACCA  
GAGGCACATGGAGGGGACAAAGGCACATGGAGGTGCAGACAGCAGGCCA  
TACCTGCCGGAAGTGCCTCACAGCCCTGGGCAGTGCAGCAGCAGTGGCA  
GCGCCAGCGCGGTGAGCAGGCCATGCGCAGGGACAGCAGGCCATGGT  
GCGAAGAGGCAGAGGCCACGTGCCAGATAACCACAGCAGGAGGCTCAGCGC  
CTCACCCAGCGCTCGCGCACGTCTCCGCATCCCGCGTCAACCGCATGG  
CCACATCCCCTGCCGGGTGACAGCGCGTCACTGCCACCCCTGTCCCTTA  
TCCCCGTGCCCCCTCCCAGCCCCGGTGCCTCACCGGGCCCCGTCGGCGCG  
CAGCTCGGTGATGCTCTGCCGCAGGACGGCGCGAAGACGCCGGCTGGA  
GGCGGCTCTGCGTGGCTCAGTGTCCCCACGAAGGTACATCACACACC  
AGCTCAGTGACAGCGCTGTGACGGCAGTGGGTGTCAGGGGGTCCCGCGC  
TGCCCCCTGCCCGCACCGCGTCCCCCTATGCCAGTACCTGCTGAGGCC  
AGCAGCACCATGGCAGGATGGCTGCCAGCTCATCTCGCGGGCACCCA  
GTCGCTGGCTGCCCATGTAGTAGGGCACGCCATCTGCCGTGTCACCA  
CAGCAGGGTCAAGGCATGGGGACCCCCCGAGGAATGGTGCCAGGAG  
TTCTGTGCTGCACCCAGTTGGTGTGCAACCCAAAGCTCAGAGGTG  
AACCTCGAAGCTCATTGTTGCCCTCCAGTTGGCTGCAACCCACCC  
ACCGCAAACCCATCTCATTCCATTCAATCACGCCACCCACCCACCC  
GACCCCAATTCTATCTCCATCCCCATCCCTACCCACCCACCCACCC  
CTATTCTATCCATTCTACCCACCCACCCAACTCAACCCAGTCCATCT  
CCATCCACACTCCATCACATTCCATTCCACCCCTGTTCAATCCCCAT  
TCCATCTCCATCCAAACTCAGCCCCAGTTCCATTCTCTCCCCATCCC  
ACCCACCCATCTCACCCAGTCCAAACCCACATCTTACCC  
ATTCCATCCAAACCCATTCCAGTGCCAGCCATACCCATCTTACCC  
CCACCCAAATCCCATCCATTCCCCATCCATTCCACGGCTACTCCAT  
CCCCAAATCCCATCCATTCCATCCGTTCCAATCCCATCCCTACCC  
ATCCCCAGCCCCACCAACCCATCTCATCAAATCCAAACCCACCTC  
CGATCCCACCTCCACTCCCCCGCCCCGTACCCAGCGCCGAAGCCGCCAT  
CAGACCCATCACCGCGCGCAGCGCCGGCGTCCGGGCTCAGCGAGAGGA  
GGAGGGCGCGACCGCGCCATCTTCCCCATCGCGGCCCCGATCCCCCTC  
CGGCCCCGATCCAAATGCCGGCAGCGGCCGGAGCTTCTCGGAAACGAGAG  
CGTCTCTATTGGCTGAGGCGGTGAGCAGCGCTGCTCATGGTGA  
GATGGTTTCGCGTCACTCAGTTGCCAGGCAGATCGGAACACTGCAGTTGG  
AGAGGGCGGGTGAATTGAAAGTGAAGTAACGGCGGAGCGGGAAGGAGAT  
GGAGAGCGGGCGGGGTGAGGGGCTGGAGGGGCTGGAGGGGATGGACTG  
GTAGGGCTGGTGGGCTGTCATCTCCATTCCATCCATTCCATCCATTCC  
FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 2)

FIGURE 10

## FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)

93/110  
E1REV.txt

GTGGGGACTGTCGAGGGCTGGAGGGATCTGATGGGACTGGAGGGTTT  
 GGTGATCGCTGTTGTGCTCCAGGCTGGGCTGTGGGGAGCCGGACTGGA  
 AGTGGGGGCCCTAAGCACTGCTGTGTTCCAGGTGCTGAGGGGA  
 GCTGAGGACCTGCACCAAGGAGCACCCGGGAGCCCACCTGGTCCAGCTG  
 TGCACCAAGCTCTGGGATCCCCACCCCCACAGCCATGGCGATGCCGCC  
 CTACATTCTGCGCCGTGATGCACGCTGCTCCCTGGCGACCTGGCCCTCA  
 TGTTGGCCCTGGCCCACCTCTTCCCAGCACTGGCCCATTGGCTGGGTG  
 GGCTCCTGGCTGGAGGCCGGCTGCGCCCTCTGGTGTGGGGGGGGCGG  
 GCAGCTGCTGGCCCCCAGGGGACCCGTGGGCTGCACTGCTGAGCC  
 TGGGCCCGCCATCTCCTGACCCCTACGGGCTATGTAGGTCTGCTGGA  
 GCTGCCCGGTGCTGCCATGGCAACGCCCTGGCTGGTGTGAC  
 CCACGGGACAGCTGTTGGCATTGCTCACCTGGAGCCTGGTCCCCA  
 CTGTCGCCACTGGGCAAAGGAGGCAGGGCTGGTGCCCTGAGGCCG  
 CTGCTGGCCCTCGCCCTGGCCAGTGGCCCTTGGCTGTGCCCT  
 CTTCCCTCGCATTGGCTGCACTGGGTGAGACCTCAGTGGCCCTACTGCACCG  
 GGAGGGCTCTGGATGTCCCTCGCCAGGGGACGGCCTGCCCTCACC  
 GCTGCTGCGCCTCATGTGCCCTGGCCTTGCCAGCAGGTAGGGACCCCA  
 CATCCCTCCACAAAACCCATCCACCTCTGGTGGTGTCTGGTGGTTG  
 GGGGTCTCTGTCCATATCTGGGGGTCATCTGATGGGTTCTGGGACTCCA  
 CTGACCCCTTGTGATTGTCTGAAGGGTTCTGGCTCTCCATTGACCCCTG  
 ATGGGTTTGGAGTGGCCCTTCACCTCATCAGGTTCCGCTCATCTGCCG  
 GCTGCCCGGTGGCCTTCACCTCAGCCTGGTGTACCGGGACCTGCCCT  
 ACCCGCAGGACAGCTTCTCAGACTGGGGCACTTTGCTCCCTGCCCC  
 CCAGAAGACCAACAGCAGGTACAGACTGGGGCACTGGGCTCTGGCCT  
 ACACCATACCCCCAGCTCACCTACTCAACTCCACAGCTGAGTTGCCCTC  
 CCGGCTGACCACCGATGTGACGCTGGCAAGCAACGTGTTGGCACTCAATA  
 TCAACGTCATGCTGAGGAACCTGGGCAAGGTGCTGGGCTCTGCCCTTC  
 ATGCTGGGCTGTCCCCGCCCTGACAATGCTGGCACTGCTGAAGTGCC  
 GCTGCCGTACCGCACGGAAAGTCTATGACACCCGGCACAGGTGATAG  
 CAGGGATGGGATGGTAGGGTGGGGTACAGGGATGGAGGCAATGGCAAT  
 GGGATGGGAAACAGTGGAGTGGGATAGTGAGGTGGGATTGTGGGTCA  
 GGGTGGCAGGGATGAGGGCAGCTGCAATGGGATGGGAAACAGTGGGATGG  
 GGAGAGCAGGATGGGATCATGGGCTAACACAGCAAGGATGAGGAGATG  
 GAGAAGAGTGGAGCAGGAATGGAAAGTGGATGGCAGTACTGGCCATCC  
 CATGGGTGCTGACACCCACTGTCCCCCCCAGATGCTGCAGCGGCGTGC  
 TGGATGCAGCAGCCGACACGGAGCAGTCAGGAGTCCATCTTCC  
 ATTGAGATGGTACGGGCTTCATGGCAGGAGGAGGAGGAGCACCCTA  
 CAGCCAGGTGCTGGACAGGACCCACTGGCTGCAGGAGCAGCAGGACACAG  
 AGAGGGCCATTTCCTCATCCAGCGGGTGGGCTGACACGAGGGGAC  
 ACCCTGGTGTCTGGGTGGGATCGGGACATCCCCGTGAGCCCCATCCCCA  
 CAGGTGCTGCAGTGGCGTGAGGCACTGGTGTACTGTGGCACCA  
 GCAGCTCCACGAGGGGACCCACTGGCGGGCTCGTGCCTCATCC  
 TCTACAGACTAAAGCTGGCAGCTGGCTGAGGTGAGGTCAAGCAGTGC  
 TCCTCTGCCACGGATCCCCATGACTGTGGCCACATCCCCGTGCCCCAC  
 CCTGGGTGCTGTGCTGGGGTCACATCCCCATGTCCTATCTGGGTGC  
 TGTGCCATGCAAGGCACTGGCTACTCCATGGTACCTCTGAGCAATGC  
 AGCGGCCGCTGCAAGGTCTTGATTACCTGAACCTGGAGCGAGCTGTGG  
 GTGCTGGTGGCACCTACGTGCCACAGAGCTGCGAGGCCACGTCACTTC  
 CATCGGGTGTCTGCCATCCCCACTGCCCTGAGCGCCCTGTCCTGCA  
 AGATGTCACTTCGAGCTGCCAGGGAGGAGCACCTGCGTGGCACTGCT  
 TGAATGGCAGCAGGAAAGAGCACCTGCGTGGCACTGCTGGAGAGATTCTAT  
 GAACCTGGGGCCGGGAAGTGTGCTGGACGGGGTGGCGCTGCGGGACTA  
 CGAGCACCGCTACCTGCACGCCAGGTGAGGGGGTGGGGGAGATGTGGC  
 TGCAGTGGAGCAGTGTGGGCTGAGCCTCTGCCCTGGGCAAGGTGGCACT  
 GTGGGGCAGGAACCCGTGCTCTGGCTCCATTGGGATAAACATTG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 56

94/110  
E1REV.txt

FIGURE 10

**SUITE 57**

95/110

E1REV.txt

TTATTTCACAGGAAGCAGTCAGGCAAAGCATAACAGTCAGCATAGGAAG  
 CAGAATGAGATGTGAGAGGTCAAGAGGATGGGGCTGCCCCATCACTGAC  
 CCCAAATGCTGGTGTGGACTGTTGGCTCCCTGCAAGCTGAAGCACAGCAC  
 TCAGATGGCAGGGTTGCTCCCTGAGGGATGAGAAGGGATGATGTCAC  
 GGGGCAGGTTCACATCCAAACCCCTGCTCCGGGGTCTCCCCGAGAG  
 CCCCAGCATAGCCCAGCCCTGGCAGTACACAGAGGACACAGGACCCC  
 TCCCAACCCACAGCCCCACACCGCACCTGCTGAGCTGCTGGATCCAC  
 CTTCCCTGTCATAAGGGAGGAACAGCTGAGATCCAGCCCTGCTCC  
 CTATGGGCGTGGAGCAGCCCCAAGCACCAGGAATGGTACCCCTGGGAGA  
 AAGTGCAGACCCCAGGACCGCCCTGGCAGTGGCAGAGGTGGGGACAGC  
 GCTGCCCTCATCACTCACCGGGCGATGTTGAGCCCTCCCTCTC  
 CCTGCAGACAGAGAGATGCTCACGCACAGGTTCACATCACAGCCAGGCTG  
 AGGGCTCCAAGGGGACCCAGATCCCCCCTGCCCCCTGCACCCCTC  
 TGCTTTACCTGCATGGCCTGTAGATGATGAATCCAACACCAACCATG  
 ATGGCAATGGCACAATGGCGACGGCCACCCCCCGCCACGATGGCACCAG  
 GTTGGGCTGTGGCGCTCTGGGGAGAGCGGGGCCATCAGCAGGGGAAGG  
 GGCAGCCCCGAGCCCCCAGCCCCACATCCCCCTACTCACCCACGAGTA  
 GAGGCCGGCTGGGCAAGGCTGGCGTCTCACGCGGACTGGTACTTGT  
 CCCCCTCCCCCGCTGCGCATCGATGGTGACCCAGGTGTTAGGTGCCG  
 TCGCCGTTGGGACGATGCCCCCGAGTGGCGTCTGGCCCCGCACCGC  
 GCCGTCTTCAGCCAGCTGACAACGATGGCCGCGGGTAGAACCGTGAG  
 CGCGCAGGACAAGGTCAAGGATCCCCTGCGCTCCTCCCCACACTCGC  
 ACCTCGGGCCGCTCTGGGGCGGGCAGTGAGGGCCGGCTGAGCTCC  
 CCACGCTGAGCCCCCAGCCCCACGTCCAGCCCCACACTGCAGCCGCTCCC  
 CCCCCACCCCGCTCACCTCTGCCCCAGCTCAGCTTCCGTATTCCAC  
 GTATCTCCGCACTCCACGCAAGGTTCTCCAGGTAAATTCTCCACC  
 TCTCAGGTTCACTCTCTCCATTTCCTTGTGAGGGACTGCTCT  
 GGAACCTGCCGAGTGAACGTATCGTGCCTTGTGAGGGAGTGAAGTC  
 TCTCCCACATCGTAGGCCACTGTATAACCCCCGGATGGGCCCTCGA  
 GGATGTACAGCGTACATCCACTGCACCGTGTGAGACCCCTGAAACACAG  
 CGGGCAGGGGGTGAGGGGCCCTCCGGCTCCGGCTCCACTGCAGCG  
 GGGATGGGTTGGGTCCCCCGGGACCGTGGCCGGGGCAGGGCAGGGCTGGGG  
 TGTGACGGGCAGCCCCGGACGGTGGCCGGGGCAGGGCAGGGCTGGGG  
 GGTGTGGGCGGCAGTGCCTCATGGAGCCCATCCCACACCCACGGAGCCGC  
 GGCCCCGGCGGTGCTCACCGCCGGTCTGGTTGTAGGCCGCTGCAGTATG  
 CCCAGGTTCTCGCGGTCAATCTGCTCATGGCCCTGTCGATCTCGTCTG  
 TCCATCCCAGTACTGCTGGTCCGGCTTGGCCCTATCCACTCGGTGCCGG  
 GCACGTACCTCCGCGCGGTGCTGGTGTAGTCACGAAGAGTCCCCGTCC  
 ACGTACCCACAGTCACGAACCAACGGCTGCCCGGGCGGATCCGTCA  
 CGCCGTTGGATGTACCGCAGGGTATGGAGCTCTGCCGGGAGGGAGCACA  
 GCGGGGCGGTGAGCCGGGGTGTGGGTCTGAGGATCCACGGACACAGCC  
 CGGGGGTGGGGTACGGCGGGGAGGGGTCCCGGTCCGGCGACTCACC  
 GGCGCCGCCCCACACGGCGCGAGCAGCAGCCCCAGGCCAGCGCCC  
 CGCACGGCCCCATGCCCTCGCACCGCTGCACTCTCAAGTCCGCCGACCC  
 AGCGCAGCTCCTTCAGCTTCTACTCCTCCGCCCGCCCCCGCC  
 ATTGGCTCTCCGTCGCTCTCCGCCAATGGTAGTTGGAGTTATGTGA  
 CGTCATGGGCGCCAGGAGAATGCGCTCCCTCAGGGTGTGAAGCGAAAG  
 CGAAAGCGCGAGCGGGGGAGGGGATGGCGCGGTGTGGGAACCCCCGGC  
 CCTTCGAGCACGGGGGGCACCCGGGCTGTTGTCACGGGGCGCGTCC  
 TTACCCGGGGGAGGGGGCGAGGGTCTCTGCCGGGAGGACGGGGCGGT  
 GAGAAGAGGAGGAGTCATTCTCCATTCCAGTCAGGAACTGTTGGGGGG  
 GGGGTCACTCCATAGGGTTAGAGGCTCCGTGTCCGGGGGGAGGGGGT  
 GTGACAGTGGTGTCCCCAGGGCTTGGGATCAGTGCCTTCCAC  
 ACAGCGCCGCCCCACACCGCTTCCCCACATCCACGTGGTCCATCTGAGGT  
 CGATGCCCTCAGGGTCTGCAGGTGGACCCCAATGTCCACCCCCCAAGTTA

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 58

96/110

E1REV.txt

ATGATTGACCCCAACCCGCTGTCCCTGCGCACTGCTCCCATCTGCC  
ACACTGCCGGAGCCATGGGCCTCACTGGGCCTCAGCCTCTCCTC  
CTCTTCCTCACTCCCTAATGAGGGCAGCTCCAGGACCCCTGAGTATGG  
GGCTATGGGTGTTGTGGGTAGCTATGGGACTATGAATGTTCTGCAGT  
GCCTATGAGGGACTATGGGCACTGGTGGGGCTGGGGCTGCTATAGGAT  
TGGGGTGTGATGGAGTCTGGGGGACTAAGGGAGATTTCTGTGTGGTTGG  
GTGGGGTTATGGGCCAGAGCTGGGGGATTCTATGGACCTAAGGGGTG  
TCTGGATGCTTATGGATCTGGAGGGCTTATGGAGCAGTTATGGGCTG  
GTGGCTCAAGCAGTGTTCCTCAGGGTGGTGTGGTGGGGGGGGCG  
TGGCCTGGGGACCCCATGGGCTGTTGCTGGCAGCTGTGGGGCGGTG  
ACCGGGACGGTGACTGCATGGCTGAGGGGACCGTGGGGCTGGGCC  
CACCCCTCCCAGTCCCATTGCCCTCACACCCACAACAACTCAACCAGC  
TCCTACAAATTGAGGTATGGGACACCGGGGATATGGGACACTGGGG  
ATGTCCTCTGGGTGAGGGGTTGGGACACCCCTGTGGCACACAGGGAT  
GTGTGCACCCCTGGTCCCCCTGCCATGTCACCCATGTCACCTCACAT  
CTCCTTCCCCAGAGTTCCCCCATGTCCCCATAACCCAAACACCTCCTGC  
TGTGTTCCCATGTCCTTATAGGTCAACCCAGTGCAGGCAGAGCGCTGTG  
GGCGCTGTGGGTGCGGGGTTGCTCTGGAGGCCACAGCTCCCATCTG  
CCCCCCCCCAGTACCAAGGAGCTGAGTGTGGCCCTGGGGGGCCGCGGGG  
TCACCTCATTGTGCAGACAGACAAACCTCTCACGCCCGACAGACTG  
GTGAGTGTCCACGTCCACCCCTAAAGGCATCCCTCATGTGCCACAGTT  
TCCCCCCCAGTGCCCAATGCTCCAATTCCCCTAAATCAACCCAAAATT  
CTCCCCAAAGCCCCCTCCAAATCTACCATGAATTCCCCAAATCCACCCATT  
TTCACCCCTACATTACCCATTACCCAAATTCAACCCAGCACACCCCA  
ATAACCCCTGGTCACCCAAAGTCCCCAAATCCCTCAATTCCCCTAA  
TCCATAACCCCCATCTGTCCCCATGTGTCCCCATGTGCCCTGCGTTTC  
CGGGTCTCTCCATGGACCCCGACCTACAGCCGAACCCGAACCTGTCC  
GGTCAACCATCACGGTATGGGCCCTATAGGGCTGGGCTGTGGTGACCC  
GTGGGGTTGGGTGACCTACAAGGCTGTGTACCCCATGTACCCCAAGA  
ACCCGTTGGGTGACGAGTGCAGGGAGGTGAGCGGGGTGCCCTGGACACG  
GTGCTGAGCAGCCAGCTGGTGTGCCTGACATGCCCTGTGAGTGGGCT  
ATAGGGGCTACAGAGGGCTGTGGGTGCGACAGGGGCTATGGGACTG  
GGGACTATGGGATTGGGCTACAGGGCTGCAGGCAGGCTAGAGTAGT  
GGGGGGATTATAGGGTACTGGGCATTACAGTGGCAGATAAGCTATA  
GAGGGCTGTGGAGAACTATAGGATACCTTAGGGCCATAGGGCTACAG  
GGGTTATAGGTGAGCATGGGAAACATAAGGGCATAGCGACTCCGGAGG  
GCTGTAGCACACCATAAGGGCCATAAGGGCCTGGAGGGCTTAGAGGAC  
CACAGAGGTGTATGGGAGGGCTATAGGGACTATAGGGTATAT

FIGURE 10

SUITE 59

97/110  
E52FOR.txt

ACATGGGAACACATGAGGACAGGGAGAAACTGCAGGGACACAGGGACACT  
TGGGGGATAGGGGATGGTAGTGATGCATGGGGGGGGCACATGGGATG  
TGGTGGGGCACACTGGGATGTGTGGGATATGGGGACACATGGGAATAT  
GGGGATGAGTGGGACATATGTTATTATAGGGATGTATGGAGACATTGG  
GACACATGCAGAGGGAGGGACAAATGGGGACACACTGGGGACAGATAGG  
GACATGGGGACACCCAGGGAGGGACACCCCAAGTCCCCCTACCGGC  
CAGTGTGGTTCTCTGTGCCCATCCCCCTGCAGCAGCGCAGTGACA  
CCGTACTGCCGGTCCCCACCGCCACCCACCTGCCCGCGGT  
TGGGGGGCTGCCGGCGTCGGGTGCAGAGGGCGGCTCCATGGGTCA  
CGGTCTGGGGGTTCTGGGGTTCAGTCAGCTGGGGGAGTCCGGGG  
GGGACCCCGAGTGGGTCAAGAGTCCCCCAGGGTCTGCAGGGAGAGAGG  
AGTGAGAGGGATGAAGGGTCTGAGGGCATGGGTTGGGAGGGGTGTGG  
GCGTAATGGGTCAATTGGGTTAATGGGACACTGGGACAGTTGG  
AGCTATTGGGCTAATGGGTCTCTGGGGACATGGAGGGACATTGGG  
ACATTGGGTGTAAT

FIGURE 10  
SUITE 60

987110  
E52REV.txt

TGGCTGATGGGCTGTGCCTATGAGCGAAAACACCACAATGGGCAGAAA  
AACCTTCTCCAGAGGACCAACCCCCTCTATGGCTCTTGCACCTGG  
CCTTGCCAAAATTGGTTATTTTGAGAAAAAAATGGGCCATTCTCTG  
CTGGTTGTCCAAGCAGCAAGAGATGCTGGCATGAGTCTCACCAAGCCAAG  
AGGTCTGTGGGACCAAGAGAACTCTTCTCCCATTAAATGATGAGTAA  
CTCCACCTTGGCACTCTAAGGTGAAAATCCTCAAATCTGCAATT  
GAAGGCGCAGCTCCCACATTCTCATCCCCCTTGTCTGTCCATGGCAGT  
GCAGGCATTCCAGCCCCATCCCCAGCCCTGTGCTCAGTGTCCCTCGACT  
GGATTGGATTCAAGAGGAAATGCTACTACTTTCAAGAGGATGAGAGCAAT  
TGGACGAGCAGCCAGAACACTGCTCTGCTCTGGTGCCTGGCTGT  
GTTTGACAGCGCTGAGGACTTGGTGAGGGGGACACAAAAGAGCCACCAAT  
GTATTTGTCCGCTTGAGGGCCCCTGGCTGCTTTCAGTGTTCCTT  
CTGATTTGGGGTGAGGAGGTGGATAATGGTTGTCTGAGGGTAGGTTGG  
GTCTACTCCTCAAATTCTCAAGGGATTAAAGGGAAAAAAAGATGTT  
TTTCTATGAAGTAACCACGCTGGCTAGAGACTGTGAGCTTGGTGTGG  
ATTGGGCAGTTCAAGCACTGAGATTATTGGTGAAAGGGTCTGCAGGC  
AGTGGCATGCAGGAAATGTCCAGAGCCCCATGATCTGTTCCCTCTCCTC  
TTTCCAGAGCTTCACAATGAGACACAAAGGAGCTCCCCCAGTGGGTT  
GGCCTCTCCCGGAAGGCAAAGAGCATCCATGGGAATGGGTGAACCGCTC  
TCCTTGTCTCACCTGTGAGTTCCCACCTGTCTTGAGGCTGCAGCTT  
CTCCAGCCCCAAATGTGGATTCTGGACCTCAGGAGCATTCTGGAGGT  
GGCTTATGGGGTGAGGAGATGTGGGAAGGCACTCGCACCGCTTGGGT  
CATAGAAGTTCATTGAGAGGCAGAAGTGGCGCAGGAAAAAGAGATTCTA  
TTAATCAATTATTTGTCTGTTGATTCACCACTGTGAGTTCTCTTC  
CCCCCCCCCCCCAMAACCTGGGTCTGCCTGTCCGTCTGTCTGCATCCA  
GGTTCAGGTGCAAGGCATGGTCTGTGCATACCTGGGGATGCCGG  
CTCAGCTCCTCCACTGCAGCACGCCAGGAATTGGGTTGCACCAAACC  
CGCGTTGCAAAACCGAGGAAGAACCTCTGCATCACGCACCTGAGCGGCTC  
CCGGACCGAACACGCATGCAAGAGGAGGAACCAAAGCAAAAGAGCTC  
CGCTTCAGCTGTCTCAGTAGCAACAGGAGGGCGGTGCGCTCCCTCCAGC  
CCAGGTCGACAGTGCCTATGGGGCTGCGCGGACCGAAGCAAATCCC  
AGGCAGGAGCTCGGCTCCAAATTACATTGACCTGACTCTA  
ATGACCGCTAAATCCAAATTGGGGCTATCCGTGCGCTGCTTGCAC  
GACCTTCACCCCTGCGCATGCAGCAGCAGGTTGGGGGGGGACGGTGG  
GAAAATATCCATTTCACCGGTTTCTCCAAAGGGAAATACTGGGAAA  
GCAATCAGCCAAAGGACCTGAAATCGATGAATAATCGGCAAATTATT  
TATGTTCTGTGTTCCCTCTGTGTCAGTGCAGTGCCTCTCCATGAAT  
TCACCTTAAACGGTGTGTTGTCACAGGAAACACTCTCGACTCTCTCCA  
CCACTCCTATATATTCAACAGACCAATTCTCTGGTGAATTATGCAA  
AACAAAAGAGTATATTGGTTAAAGAACCCAAACCACCTCTGTACTGA  
AGGGAAATAGAAGAGCACAGACCGCCCGCTCCCCCTCCCTGCTGCCGCACA  
ACAGACGGTCCCCGAGGATGTGCAGACAAACGCCGACGCCGTCTGA

FIGURE 10

SUITE 61

99/110  
E6G2N15.txt

TAGNAACTAGNGGATCCCCCGGGCTGCAGCTATGGGGAGTGGGTGCACT  
CCTTGGCCATGGCTTGGTCCCGTTACTCTGGAGGAATTCCACAGCTG  
CCCCAGGAATCTTGTACATAAAAGTGCACAGATCGATCAGAGATGTCACTG  
TTCCTGACAGAAGAAATCCTGTCTCTCTGATGTTCTCTGTGAAGAGCAT  
TGCCACGAGGGAGCTACCAGCAGGGCAAGCAGAGAAATTGAAGAAAACGA  
AAGATGGGTGAGGTACGGGATTGGGAGGTTCACTTCTTAGCAATG  
AGACGTGTCAAGCTGGCAGCTTCCCTGGAGCCTCTGGTGTGGATCTC  
CGGTGGCCCTAACCTGGTTCAAGGCACTGATCAAGGAGACATTACCGTC  
TTGGTTCATCTCGGCTCACGG

FIGURE 10

---

SUITE 62

100/110  
F12FOR.txt

CGATGGTCTCCAATGACCTCCATGGTCATCCAGTGCTCATCCGGTA  
TGGCCATGGTAACCCCATGTTACCCCTGTGGTCTCACCCCAATGATGCCG  
TGGTTACCTTTCTGTTACCCCTATTCTCATCCCATATCCCCCTTCTGTC  
CCTCTGCCCTTCATGATCCCTCATGGTTAACAGACGTTCCCTCTGCG  
ATCAGGTCATGTTCAGCACAAATTCTCCAGGGTTCCCTTATAGTGACC  
TCACCAATTACCCAAATCATGTCCTGGTGTCCCTGAAGGGGCCAGATTC  
CTCAGTGGGACCCAGATGTCTTCAGTGGGGCGGGACCTGGCCATTCCAA  
TGTATCCAGGTGTCCATATGGCATGGGACACAGATGTGCACATGGGATG  
GGACCCAGGTGTCCCCACTGTATCCAGATGCCTCATGGGTTGGGAAAT  
GACCATCCTCGATGTCACCCAGATGCCACATGTGATGGGACGTGGCCAT  
CCTTCATGGCATCCGATGTCAGCTGGGATGGGATCCAATGTCACCC  
AATGCAATCGCAGTGTCAACCCAGATGTCCACAAGGGATGGCACCCAGATG  
TCCCCAGGTGCCACTCATCTGCCTCACCAACCCAGGACTTCCTCCACTG  
CTCCCACTGCTCCAGTTGCCCTTATTCCTCCC

FIGURE 10

SUITE 63

101/110  
G2M13.txt

GATCTTCAGT GATTT CAGTGGT CTTGGT GGTCTTCAGT GCTCTTCGTT  
 GGTCTTGACAAAGATGCAGAGGAGCACCGCTCCAGACGGACCCCCCGG  
 GGACCCCATTGTCGCCATCCCCACTGGGACATGCAGCCATTGACCACAG  
 CCCTCCGGCTGCACCACCAACTGATTCTTATCCTAAAGTCCACTCTT  
 GCACACTTACCTCCAATTAGTGATAAGGATGTGGCGTGGGACCGTCCCA  
 ATGGCCGCACACAAGTCCAGGTAGATGATATGGGATGACCATGAAGGGAT  
 CACAGAGAGGAACACGGGGTGACCACGAGGAGCAACGAAGGAAACGCTGA  
 GTGACCACGGGCAGAAAATGGTGTGACCATTAGGGACAAACGGAGAGGGAA  
 CAGAAGTAGTAAGGAGTGAGAATGGGGTACAAAGAGGTGACCATGGCATT  
 AACTTTGATAAGACCATTGGGTGACCGCAGGGTGTGATGGCCATACCATGGG  
 GTGAGCACTGGATGACCATGGAGGTCAATTGGAGGGACCATCGGGTGGGACG  
 AGGGCCGTGGGGACACCCGTGGGGCGGTGGGACGGGGCAGAGTGTCAAGA  
 AGGAGCCCCCGGGCGCAGAACTCTGCCTGGAGACGGGTGACGCCGCCCGG  
 CGCCGCCGCCCTCATGGCCCTCCCCGCCGGCCCCGGCTCGCGGCTG  
 GCGCGGGGTGCCGGTCCCCCATCGTCCGGCGGCAGCAGCCATGGGAGC  
 GGGCGCGTCCCGCGCCGGGGCGTGTGGACTGCTGGCGTGG  
 AGCCC GGCCGGCGCCGGCACCGCCCTCGGGTGAGCTCGGAGCCGCGG  
 CGCGGGGACGGCGCTGCGTCCCCCCCAGAAACCCCCGGAGGCCCTTCTG  
 GCCGTGCGCAGCGCTCGGGGCTGCGGGGGACGGAGGGCGGGGGGGCG  
 GCGGAGCCGTGGGGGGCAGCGGGGCGGGGAGGGGGCGGGGGGTGTGGCG  
 GGGGGCGGCTGTGTGCCCTGACCGTGCCCTGTGCCCGCAGCGTTCTTCTT  
 CTGCGGTGCGATATCCGAGTGCCACTACCTGAACGGCACCGAGCGGGTGA  
 GGTATCTGCAAAGGTACATCTACAAACCGGCAGCAGTTCACGCACTCGAC  
 AGCGACGTGGGAAATTGTGGCCGATTCAACCGCTGGGTGAGCCGCAAGC  
 TGAATACTGGAACAGCAACGCCGAGCTTCTGGAGAACCGAATGAATGAAG  
 TGGACAGGTTCTGCCGGCACAACTACGGGGGTGTGGAGTCCTCACGGTG  
 CAGAGGAGCGGTGAGTGCCTGGGGCGCAGCGCGGACGGACGGCAGGG  
 CCGCGCTCTGGCGGTCCGCAGCGCTCCCCCGTGCCCGCAGTGG  
 GCCCAAGGTGAGGGTCTCGCGCTGCAGTCGGCTCCCTGCCGAAACCG  
 ACCGTCTGGCGTGCTACGTGACGGGCTTCTACCCGCCGGAGATCGAGGTG  
 AAGTGGTCTCTGAACGGCGGGAGGGAGACGGAGCGCGTGGTGTCCACGGA  
 CGTGATGCAGAACGGGACTGGACGTACCAAGGTGCTGGTGGTGTGGAGA  
 CCGTCCC CGCGCGGGGACAGCTACGTGTGCCGGTGGAGCACGCCAGC  
 CTGCGGCAGCCCCTGAGCCAGCGTGGGTAAAGGCCCGGGCCCTGCC  
 CGCCCGGGGGAGCGGGAGCGCGGCCCGCGCTGAGCCGCCGCTTC  
 GTCCCCCGAGAGCCGCCGGAGCGGGCAGCGGGCAGGAGCAAGCTGCTGACGG  
 CGTGGGGGGCTTCGTGCTGGGCTCGTCTCCTGGCGCTGGGCTCTTCG  
 TGTTCTGCGGGTCAGAAAGGTGAGCGCTGGGAGGGGGCTGCGCCGG  
 GGGGGGTCGGGAGCGGGGGG

FIGURE 10

SUITE 64

102/110  
H421.txt

GCTCTAAGAACTAGTGGATCCCCCGGGCTGCAGGATTACCAAGTGTCCCCAA  
CTGTTTCTGCCAATCCAAGCCCTGCAAATGTACAAATATATTAAGTGGTT  
TCCTTAAGAGACATCTTATATCTCACCAATCATTAACGTTAACCTT  
ACTCTGCTTCTCTGTGAACAGAAAACAAAATCGGAAGCCTCATATACA  
GGTGTTCAGAGGAAAATAGTAAGTGGTGTGAAACTGGAGAACTTGTGA  
AGTGAATATGGGAGCTACTGCCTCTGGAGGGAGGAAAATAAGGAACCAA  
TGAAAGATGCCAAGGTGAAGCAAATGAAGGACCAGCTGTTGGCTAGA  
GCATACTATCCAGTATTGCTAAATGCCTCTCAAAGCAAGTTGACTCG  
GGATATGAAACAGAATATCCAAGAGTTGAGCGTATTCTTAGTGAAGTT  
CTCAAGATGCTGACCTTCCACCACAGTAAGTTCTCCAGTTGGTTTA  
ATCATTCTTGTACTGAAAGTTAGTTCTACTGGAAAAGATTGGTTG  
GATTCTAGTCACATGAATCTCTCCTAGTTGCCTCAGTTGCCGGACA  
TCCCCGTCTAGTGGTTTACTTGCTT

FIGURE 10

SUITE 65

103/110

H4212.txt

TAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCAACTTACTTCTGACAACGATCGGA  
GGACCGAAGGGAGCTAACCGCTTTTGACAAACATGGGGATCATGTAAC  
TCGCCTTGATCGTTGGGAACCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAAACGACG  
AGCGTGACACCACCGATGCCCTGAGCAATGGCAACAACGTTGCCAAACTA  
TTAACTGGCGAAGTACTTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAAATAGACTG  
GATGGAGGCGGATAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTCCGG  
CTGGCTGGTTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGC  
GGTATCATTGCAGCACTGGGGC

FIGURE 10

SUITÉ 66

104/110

H424.txt

TCCCTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTGGCTTAGCGTGGTCGCG  
GCCGAGGTACATACCGCTGCCGCAGTGATGTCTCCAAGGTTGATTTAAGC  
AACCAAGCTCCCTCCCTGCCACGGCTCCAGGCTCCACATGCCCTGGGTTAAGG  
CTGGGTTTGTGAGACAGTGTCTTAACATGGAGCGCTGACTGTTC  
TGGAACTCGCTCTGTAGACCAAGTCTGGCCTTGAACTCAGTGATCCCCCTG  
ACTCTGTCTCCAGAATGTGGATTCTCCA

**FIGURE 10**

**SUITE 67**

GGATTCTGACACCCCTCCCTCCCCACCCCCAAAGGTGTTCCAGCGCCGCA  
 TGGATGGGGGCACCGACTCTGGAGGGGTGGGAGGAGTACGTCCATGGC  
 TTGGGGAACGTTCTGGGGAGTCTGGCTGGGTGAGGACCCAAAATTG  
 GGAAGATTGAGGTCTGGGGTGGGGGGGGAAACACCCAGGGCGGAGAGGG  
 CTGATGGCTGCAGGACGTGGAGTGGGATCCCTGACGGGGGTGTGGGGTGG  
 GGGGTGTGGGGCAGGGGCCAGGTGGGTGTAGGGTGGGGATGATGAC  
 GATGGCTGTGGGATGTGGCGCAGGGAATGCGGCCTGCACACACTGACAG  
 CTTCCGGGCCACGGAGCTGGTGTGGACCTCTGGACGCCGTAGACAGC  
 GCCTTCGCCCCCTATCGGATTCGCCGTAGTGGCCTTGAGGACAATT  
 CCGCTTCACCTCGGGGCTACAGTGGCACAGCTGGTGTGGGGCAG  
 TGGGAGCTCCTGGGGATATTAGGGTTAACCTGACCCATGAGGGGGCT  
 TTTGGGATACCCAGATCAGGGGGGGGGAACTCTGGGAGAGTAGGGG  
 ATGGTCCCTTGCACAGTGAGGGGGCTTGCCTTGAGGGTCTTAA  
 GATCGTTGACCTGTTGGGATCTCTGGGATCTCCAGACTGCAGGGAGCC  
 CGGGGGGTTCTGGGGGCTCTGCCCCACAGGGTGGTCTGTGAGGGTG  
 TGGGGTACCTGGGGGCTCTGCCATCTGGGCTCTGAATGCTAT  
 GTGGGTGTCCTGGAAGGCTCTTAGGGGCTCCATAACCTGCTGTGG  
 GTCCCACAGGGGATGCACTGTCCTACCATGCTGGGAGCCCTCTCCACG  
 CGGGACACGACCCCCGAGGCCCTCGGCCCTGCCGCTACAC  
 CGGAGCTGGTACCGCAACTGCCACTACGCCACCTCAATGGCGCT  
 ATGGGGTGCCTACGACCACCAGGCATGGCTATGGGGTTGTAAAGGGG  
 CTGTGGGATTGTAAGGGTCTATGGGGTATAAAATCAACCCAATGGG  
 ACAGGAGGGGGTACCATGAGGCCATGGGGTTTGTGGGTAAATGTGG  
 AGGGCTACCCCCCCCCCAAGGTCTTTAGCCCAGTCTCTCTGTATG  
 AATATGGAGCCCTACAGGAGCTGTGGAAAGCTGGAACACAAGCTGGAACAG  
 GGAGGGGATACTTGGCCCCCTGTAAGGCCTATATGTGTCTATAGGG  
 CACTGTAGGTTGTTAACGGCATGACCAAGTCCCCCTCCTTCTGCAGG  
 GCATCAACTGGTACCCCTGGAAGGGCTTGAAGTACTCCATCCCCTCACA  
 GAGATGAAGCTGCGACCGCAGCGTACTGAGAGCACTAGAAAGTCGTGG  
 GTCGCAGTGGAGCCTTATGGGTCAATAAGCTGCGAGTAGCCAGTGCT  
 GACCCATGTATCCCACACACTGGCTCAGGAGCTATGGGGTGGGAGGG  
 CGTAGGGCGCACGCCAACGGGCACAGCGCAGCACGGTGCCAGCAGTGA  
 CCCCTAAGTGGGGCAGAGCCCCATCAGACGGTGGCTCCAGGCGGAATCGC  
 TGTAGGATGTGCCCCAAAACACAAAGAGCTCTGCCCAGGCCAGCGCTC  
 CCCCCACACAGCGGTGCCCCACAACCAAGGGCAGCAGCGCTGCCATG  
 GAGCCCCCGGCTGAGGAACCGCTCTGGGGCAGAACAGAGATCAGAGT  
 GGGTGTAGGGGAGGAACCCAGCCTGGGGTCAAAGCCCACATCTATGGG  
 GTGGACCCACACATACCGGGCAGGAACACTCATCAGGACGGTCCAAATCTT  
 GGGTCGTGGTGCAGCAAAGAGGTTGGGATAACGATGGATCCCGCAG  
 GCACTGGGATTCCCGCAATGCTGGGAGGGACAGAACATGCTGATAGGATGG  
 ACTGGGAGAGCTACAGAGGCCAGTGGGACATACTGGGACCTGCTGAGC  
 TATCCTAGAGCTTACTGGGTGCTGTAGTGGTCACACTATTACAGACTGGTCT  
 TGGTAGGTCCATGCTGGTCTGTAGTGGTCACACTATTACAGACTGGTCT  
 ACAATGGTTCATCTAGTCACAGACACTGACACGCACTGGTGTACTGATCCC  
 TGCTCGCAGACATGTGGCCCGACTGGTTGGTACTGATCCCACGGTCT  
 GTATGGCCCCATACCAAGCCCGTACTGGTGTACTGGCTGTACCTGGAGTG  
 GCGCCGGGCACAGTGGGGCAGCCGAGGGCAGGGGGTGCAGGCCGA  
 GGGTCTGGTGCAGTGGCACGGAGCAGTGGCAGTCGCCCCATATCCCCT  
 GGCTTGGGTCCCCCTGGGGCCAGCACCTGGCGAGCTCTGCACGTAC  
 CTGGTCCTGCACCTGGGACAGGGACACGTGTCAAAGCACGTACCAAGT  
 GCCACATCGGGTCACTTGTGGGCTCCCCCTGCACGGGACACAGG  
 CAGCAGCGTGCACACGGAAGTGACATGAGCGTGCACATTGGCACTGGC  
 CAGTGCAGGGGACACCAGGGCATTATGACACAGGGTTATGGACATGGA  
 TGTGACATGCATATGGGAAGTGCAGTGGAGCTATGGGAGGGACAGCCA  
 GGACATGGGTGGGAGGGCCGAATGGGACCTGGGAGAGCAGGAGTGG

FIGURE 10

SUITE 68

TGTGACACAGATGTGATGTGGTGTACCTGGGGGTGGTGCAGCAGGAAGG  
 CCACAGCCCATAAGCAGAGCCACTGCCGTGTTGGTGCACCGATGAAG  
 AGATCCACGAGGGCCATGTGCAGGCGGCCCCCCCCCAGCGGCCATAGG  
 GACAGTGGGGTCCCCCCCCAGCAGTGCTCCAGCACTGTGTCCTGGGG  
 GAGACGCACAGCCCTGTGGGGACACACAGTGTACCCCTGGGCCCTGTC  
 CCCCCCTGTACCTGTGTCCTACGTTCCACCTGGTGCATGGATCT  
 GGGACTCCACAAAGGCATCGGGCGCTCACCAGGCGCAGCAGCTCCGC  
 AGCCCTGCGTTGGGCAGCACCTGTGGGCACAGGGACCCCCCAGTGCT  
 CCACAGAGCACCCCTGGACCCATAGGGACCCATATTCCCTCCAGCCCC  
 ATATATAACCCCCCCCCAGGGCGATATAGCCCATCCTTAGTATAGACCCC  
 TGCAGCCCCATATGGACCTATACACCTCCTTATGACTATATCCCGCA  
 GCCCCACGCCGATCCTATATGCCCTGTAGGGCCCTGTAGGGCTACCCCT  
 AGTGAAGGCAGCACATCCAGTGCCTGCACACTGGCCGGCCCCACACCTC  
 CAGCAGTCCACCACACAGCGGTGAAGGAGCGCACCTCCGCTGGGG  
 GCATCTGTGGGCACAGGGCTTGGGTACCCCCAGAGAGACTCCTGAGTC  
 CCCCCAGAGACTCCTGAACCCAAAGAGGTACCGTGGTATTGGATCCCT  
 CTAGAGGTGACTGGTTCCAAAGGGACACCTCACACTTGTGTCCTT  
 CAGGGGCACCTGGATATCTGGACTCCAAGTGGCACCTGAGCATTGGGA  
 CCCACCCCTCTGGACACCTGGTACCCCCAAGGACACCTGGGACCCCTT  
 CAAGTGGCACGTGGACATCTGAGCCCCCTGTAGTGGCACTTGAGTCCCC  
 TGCTCCCCCAGGTGACACCCAGACCTGCAGCCCCCTGATATCCCCACCA  
 GGTCCCCGAAGGCAAGGCAGGAGCTGGCAGATGGTGTGAGGTGTGAAAC  
 GCCTCAAAGAGGTCCACTGGGCAGCCCCATAAGAGCTCAACTCCTGTGG  
 GGTGAGAAATGGGGTCACTGGGGTGTGAGCGGGTGGGGCTACAGGGGGTT  
 GGGGTGAGTCAAGGGGACGGGCAGCACAGCCCTGGGCTGATGGGTCCA  
 CCTGGGGTTGGAGGGCCCTGTGTTGGGTGCTACCTGGCACAGGCCCA  
 GCCCTGCAGCTCCAGGAGGGCTCAGGTGCTCACAGCTCGGCCAGTG  
 CTCCCCGCCTGCCGCACTCTGGGATGCTATCCCC  
 AGCGCCAGGTCCCTGCCGCCCCCGCGACACCAAGGGACGCTGTGGGTGACA  
 CCCATATCACCCCTGGCACCCATGTGACCTCGAGAACCCCTCAGACAGCT  
 GTACGGATCCTGGGACACATCCAGAACCCCCCAGGCACCCACTGGGAT  
 CGCTCCAGCACCCATGGGACTGTTAGAGATCTCTCCCCCCCCAAAAAT  
 ACAACCAGACCCCTCAGAGATCATGGGACCCCCCAGTACCCCCCTCCA  
 GATAACCAACAGTGACCTATAGAGACCTCCACCCAAAGCCATGGG  
 GACCCCTCAGGCCCCCCCCCAGACACCAATTAGTACCCCCAGAACCC  
 TCAGAACCTACAAGGACCCACCAAGAACCCCCCTCAGAACCCATAGAGAT  
 CTTACAGACCTCCTGGGACCCCTCCCCAGGAGCACAAATCCCAAAGA  
 ACCCCCCCTGAAGATTACAGGGACCCCCCTGTGACTCACCCAAACCC  
 CATGGGGACCTCCAACCCCTACAGCCCCCCCACACAGGTAACTGTGG  
 GGGCGTCCCACGAAGTCCCCCAGCGCCGTGCCAGTGCCTACGGATGGC  
 TGCTGCAGAGCTCAGCACCAACCTCTGGGGGGGTGGGGGGGGAGGGG  
 AAAAATGAGTGAGTTGGAAAGGAAGGGACCCCATGGGACCCCCAAAACC  
 AGGGAGAGGGAGAGGTGAGGGTGCAGAACGGAGTTGGGGGGGGGG  
 GGGAGGGATCCCAAATTATTTTGGGGGGGGGGAGTAGAATGAGAGGAC  
 AAATTGAAGGGGAGCAGAACAGGAATTGGGGACAGTATGTGGGGGTCC  
 TCCATCCTCTCAATGGGTAAATTCTGGGAGCCTGTGAGTTGAGGGTCT  
 AAAGGGGAAGGCTCAAGGTCCAAGGGAGGGAAAGGGTATGGGAAAGG  
 GGGTAATGGTGGTCCAAGGGTATCAGGGGATGGGGGGGGGGGG  
 CATGAAGGTGCCGCCCTACTCACCAACCCCCCAAGCGCAGGCATAAG  
 GGGTCCCCGTAGGTCCGGCAAGGATGTGGAGGTGCCGTGGGGGG  
 GTGCAGGAGGTGCAGGGCCCCCCCCACGGTGCTCCCCCGCCTGGCTG  
 ACCCCCCCAGATCAGAGCCAGGAGAACAGTAGCAGCAGAACGGTAC  
 GCCATTGTTCTGTGGGGTGGGGGGCCCCAGCTCTGCCCTATAACACCT  
 ATGAGGAGGGAGGTACCCCCAAAGCTCCACCCCCCAGTACCCAAACCC  
 CTACCCAGAACAGGGGATTGGGTCACTCCCCCTAAATTATGTGTGCC  
 FEUILLE DE REMplacement (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 69

107/110  
H4REV.txt

ACCCCCCTCTCAAGTCATTATAAACTTTACAGGGGTGTCCTCATAAAAA  
TACAGGAGTGTGTCCCCCCACAAGTGTCCCAGAACCATGGGTGCCA  
TCCCACAAGAAAATCTCTCAAACCTCCCATTGTGTGCCCAACCAACAA  
AGATTCTCTCAAACCTCCCCCCCCGCCCTCTACCCATATATCCTCCCAAGC  
GCTCCCCACCCCTCCGCACACCACCTCCCCAAATCCTCCCCATTACCAT  
AATCCCCCCCACCCAGCAGCAGAACCCATCACCGCTCTGTGCGTCTGT  
GTGTGTGAGTAGGGACGGGGTGTATTGAGGGGAGGGGGAGGGGGGA  
GAGCGCTCAGAACCCCTCCCCCTGCAGCCCCCGCAGGCGCCGTGCCAGCT  
GCAGGTCTTGGGTACAGTGTGACGCCGCATGCAGCGAGCACAGG  
TAGGCCTCCAGCAGGTGCACCAAGGAATGCCTCCGCCGTGTGGGAC  
CCCCGGCTGGCGTCCCCAACAAAGCAGGGGGAGTCAATTCCCACCC  
AGGCCACCCACAAATGCCAATCCTCCAAAATAATCCCTGGAACAACCC  
AAAAAAACCCCTACCCCCAACCCCCCTCCCAAAACATAACCTCAATAA  
CTCCACACCTCAAAAACCTCCAACCCCTCCCAAAACAAACCCCCAACCC  
AACACCTCACCCCCAACAGCCCCCTCCCAAGCCCCAAAGAGACCCCCAGG  
CACAAAGGGTACCCAAAATCCACTTCCCCCTCCCCAAAAAGCCCTT  
TTGGGCACTAGAGAGCTCCCCAGCACCACCCAAAGGGTCCCCACGGTAT  
GGGTACCCCTAAAACACCCCCAACCCCCAAACCAAGGGACTTCCAAAAC  
AAAGCTACCCCCCTCCCCCCCCCCCCAAAAAAATAACCCATAGGGCCCC  
CCACCTCCTGTAGGGCCAATAGGGCCATAGCCTGCCACCTGTAGTCCACG  
CCCCGTGTGAAGAGCAAGCAGATCTCCGCACCTGGGGGGGGACAGGGGG  
GCATGGGGACACTGGGGGACATGGGGGGGGGGGGAGGGGGGGGGGG  
GGGAGGGGCACTGAGGACATTGAGGAGAGGGAACACGAGGGTGGCACTGCA  
TCATGGGAGGGTACGAGGGGTGGGGGGCTCAAGGACATGGAGGGGGA  
CACTCA

---

FIGURE 10

---

SUITE 70

108/110  
H6FOR.txt

TTGCTGCCTGCAGGTGATCTAGTGGATCCGCCGACAGCGAACAGGCC  
AGCCAGCTGGTGCAGTATCTTCCACTTTCCGCAAAACTAAAGCG  
GCCTTCGGAGTTGTTACTCTCGCCGACGAAATTGAACATGTGAATGCTT  
ATCTGCAAATTGAAAAGGCAGCTTCAGTCGGGTTGCAGGTCAACATT  
GCTATTCCGCAAGAATTATCCCAGCAGCAATTGCCCGCGTTACCTGCA  
ACCC

FIGURE 10

SUITE 71

109/110

Conti205.txt

TGCTGGTGGCGGGGATCTGACTGGAAATGGAACGTTCTGGCAAAGAG  
TGGGAATGTAGGAAGGGGGTGGGAGCATGCAGGGTTGGAGCAGGGGG  
TAGT GATCAGTGGT GAGGATTGGTTCTGGTCTGAATATGGATGGAA  
GCTTGTTGGGAGAGTGAATGACTTTCACTGAGGACAGGTGGATGCTG  
GGTGAATGCTTGGTAAGTTGAACGCCTGGATAGTTGGATGGGTGGAC  
ATGAACCTTGATTAACAGCTGCAGCCTCCAGCACAGAACCGCCATCC  
CAACCACGCCTGGGTGAGCTGACGGCCTCCCACGTGAGCCCCGACTCCGT  
CCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCTCACGGTGC  
AGTACAAGGATGCACAAGGCCAGGCCACAGGTGGTGCCCGTGGACGGTGGG  
TTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTCGCCGTCCCAGCTACAAGTT  
CAACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCATGTCCACTG  
ATGCTGTACAGGTGAGCATGCTGTTGCTGCATCCATGTCTTTGGCT  
GACGGTTGTGTTGGCATATGGTAGGAACCTTCAGGCCACTCCTGGTTA  
CTGTTGGCTTAATAGAGAGGGAAAGTTCTTCCTGTTCTGACGTGGTAG  
CCTGGAGAGATGGGAGATGGAAAGATGAGAGGAAGAACGGAAATAAGGAAT  
GATTGATAATTATTCAGAACGGATGGAAGGGAGGATGGATGGCGGTGC  
ATGGGTACATTGGTGCTTATAGCAGAGCTGGACGGCTGGTTGTACGTTGG  
TTTGGTTGTGAAGAGATGAAGAGATGGAGTGGATGGCGTGTGCTTCACTGTG  
AATTCCCTCCCCCTGCTTGAGCTCCGGCACAGAACGGAAACCACCTCCCA  
GCCACTCTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCACGTCGGCCCGACTCCGTCC  
AGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCTCACGGTGCAG  
TACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGCCGTGGACGGTGGGTT  
GCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTCGCCGTCCCAGCTACAAGTTCA  
ACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCATGTCCACTGAT  
GCTGTCACAGGTGAGCATGCTGTTCTGCTCCATGTTCTTGCTTCACTG  
AGTGTAGTTGTCATGTTGGCAGGAACCTTCAGGCCACTTTGGTTAATG  
TTGCTTAATAGTCAGGAAACAATTGTTCTGTTGAGTGGGAATGCCT  
AACGGGATGGGAGTTGGATGATGAGAGGACAAATCTTATAAGGGATGAT  
TGATAATTATTGCGGAACGGATGGAAGGAAGGGTGGATGGATGGGAATGGT  
GTTTGGATAAATTGTCAGAGCACAGCTGGAGTGGTGGATGAATGTT  
GCTTGCTTGTGAATAGATGGATGTTGGTTGTGGTTGCTTCACTG  
AGAATTCCCTCCCTGTCAGCAGCAGCTCCAGCACAGAACGGAGCCA  
CCTTCCCCACCACGTCTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCAGTCGGCCCGA  
CTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCTCA  
CGGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGCCGTGGAC  
GGTGGGTTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTCGCCGTCCCAGCTA  
CAAGTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCATGT  
CCACTGATGCTGTCACAGGTGAGGGCAGGAATTGGCACCTGTTGGCTCT  
GGGTTTGCAGCAGGTAGAAATGTAACGTTGGCCTGCGCTGGGATCTTGT  
TTTCCCTGGCAATGGAACAGCTGTTGGGTCCTTTGGGAAGGATC  
CCTTAATCGCAGCATGAAGTATGAATGGACCAATTGGGTTGGGTTGGAGT  
GATGGCTGTTGAGATGAGTTGGTGGCTGCTTGAGTAATTGTCGTGGAA  
TGGATGGACAGATATGTGAAGGAGTGAAGGATGGATAAAGTAATTAGG  
AATCGGGTGGATGAAGAACAGATATGAGTTAATTCTGCATCGAAGTAGGT  
GGAAGGATTTATGAACAGATATGAGTTAATTCTGCATCGAAGTAGGT  
AAGTGTCTATTAGCCTGTTGCAGTGAACATGCACTGAGTTGCATAGACAAATGA  
GTGGGGAGAAGTACGGAGTAATCCCTGCATGAATGGTAGGACAGAAC  
TGAATGCCTGGATGCTGGCAGTGTGAAGAACGGACTTGGGATAGATGGT  
TCGAGTATGGGGTAGATTAAAGATGGATGGAAAAGAGGAACAGAGAG  
GGTGGATTGGATGAATGGATGGATGGTGGATGTGACTGATTGACAGGTAC  
CAAGCTTTCTGCAGTGCCTTCTGTCAGCTGAGCTGAGAACGGCATCCC  
GGAGGAGGAACCAACCGTCCCAGCCACGGCTAGGAGAGCTGACGGCATCCC  
ATGTCAGCCCCAACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCATCCCTGAGGGCTCC  
TTTGAECTCCTTCAGGGTGCAGTACATAGACGTGCAAGGCCAGCCGAGGA  
GCTGCACTGGAAUPLACEMENT REG 6 261

FIGURE 10

SUITE 72

110/110

Conti205.txt

CATCCCACCCCTACAAGTTAACCTTACGGGGTGTGGGGCAGACACGT  
 CTGGGCCCATCTCCACTGACACCACACAGGTGAGGGCCCTGCCTGCT  
 GCTGTGCTCTGGCCTTGTGCTGGCACGTGGCAGGAGCTGTGCGATGGG  
 CTGTGCTGGTGGCGGGATCTGACTGAAATGAAACGTTCTGTGGCAA  
 GAGTGGGAATGTAGGAAGGGTGGGAGCATGCAGGGTTGGAGCAGG  
 GGGTAGTGTAGTCAGTGGTGGAGGATTGGTTCTTGGTCTGAAATATGGATG  
 GAAGCTTGTGGAGAGTGAATGACTTTCAGTGGAGGACAGGTGGATGC  
 TTGGGTGAATGCTGGTAAGTTGTGAACGCCCTGGATAGTTGGATGGGTG  
 GACATGAACCTTGATACAGCTGCAGCTCCACAGCACAGAACGCCA  
 TCCCAACCACGCCCTGGGTGAGCTGACGCCCTCCACGTCAAGCCCCGACTC  
 CGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCTTCACGG  
 TGCAGTACAAGGATGACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGGCCCTGGACGGT  
 GGGTTGCGCACAGTGACCGTGCCTGGGCTGTCGCCGTCCGCCGCTACAA  
 GTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCCATGTCCA  
 CTGATGCTGTCACAGGTGAGCATGCTGGTGTGCTGCATCCATGTCTTG  
 GCTGACGGTTGTGGCATATGGTAGGAACCTTCAGGCCACTCCTGG  
 TTACTGTGGTCTTAATAGAGAGGGAAGTTCTTCTGTTCTGACGTGGG  
 TAGCCTGGAGAGATGGGAGTATGAAAGATGAGAGGAAGAACGGAATAAGG  
 AATGATTGATAATTATTGCAAGAACGGATGGAAGGGAGGATGGATGGCGG  
 TGCATGGGTACATTGGTGTCTATAGCAGAGCTGGACGGCTGGTTGTACGT  
 TGGTTGGTTGTGAAGAGATGAAGAGATTGGATGGCGTGTGCTTCACT  
 GTGAATTCTCCCCCTGTCCTGCAGCTCCGGCACAGAACGGAACACCTTC  
 CCAGCCACTCTGGGTGAGCTGACAGCGTCCACGTGCCCGACTCCG  
 TCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTGACTCCTCACGGTG  
 CAGTACAAGGATGACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGGCCGTGGACGGTGG  
 GTTGCACAGTGACCGTGCCTGGGCTGTCGCCGTCCGCCGCTACAAGT  
 TCAACCTGTATGGGTGTGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCCATGTCCACT  
 GATGCTGTCACAGGTGAGGGCAGGAATTGGCACCTGGTGGGCTCTGGTT  
 TGCAGCAGGTAGAAATGTAACAGTGGCCTGCGCTGGGATCTGTTTCC  
 CCTGGCAATGGGAACAGCTGTTGGTGCCTTTGGGAAGGATCCCTTA  
 ATCGCAGCATGAAGTATGAAATGGACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTGTGG  
 CTGTTGAGATGAGTTGGTGGCTGCTGAGTAATTGTCGTTGGAATGGAT  
 GGACAGATATGTGAAGGAGTGAAGGATGGATAAAAGTAATTAGGAATCG  
 GTGGATGAAGAATGGGTAGGTAGACCTGGTGAAGTGGTAGAATGGAAAG  
 GATTATGAACAGATATGAGTTAATTCTGCACTGAAGTAGGTGTAAGTG  
 TCTATTAGCCTGTCAGTGAACATGCAGTGCTGCAAGACAAATGAGTGGG  
 GAGAAGTACGGAGTAAATCCCTGCATGAATGGTAGGACAGAACCTGAAT  
 GCCTGGATGCTGGCAGTGTGAAGAATGGCACTGGGATAGATGGTCAG  
 TATGGGTAGATTAAAGATGGATGGAAAAGAGGAACAGAGAGGGTGA  
 TTGGATGAATGGATGGATGGTGGATGTGACTGATTGACAGGTACCAAGC  
 TTTTCTGCACTGTGCCTCTGTGCTGCAGGACTATGGTCATAGCTGT  
 TTCCTGTGAAATTGTTATCCGCTCACATTCCACACAACATCGA

FIGURE 10

SUITE 73

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/FR 98/02501

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 6 C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
IPC 6 C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "Physical linkage of a guanine nucleotide-binding protein-related gene to the chicken major histocompatibility complex" PROC. NATL. ACAD. SCI. USA, vol. 86, - June 1989 pages 4594-4598, XP002074404</p> <p>See the whole document , esp. discussion</p> <p>---</p> <p>-/-</p>	1

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority, claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

20 April 1999

Date of mailing of the international search report

03/05/1999

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Müller, F

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/FR 98/02501

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "A molecular map of the chicken major histocompatibility complex: the class II beta genes are closely linked to the class I genes and the nucleolar organizer"          THE EMBO JOURNAL,          vol. 7, no. 9, - 1988 pages 2775-2785,          XP002074405          See the whole document , esp. figure 1 et page 2783, 2. colonne          ---</p>	1
Y	<p>MILLER M. M. ET AL.,: "Regions of homology shared by Rfp-Y and major histocompatibility B complex genes"          IMMUNOGENETICS,          vol. 39, - 1994 pages 71-73, XP002074406          see the whole document          ---</p>	1-10
Y	<p>WAKENELL P. S. ET AL.,: "Association between the Rfp-Y haplotype and the incidence of Marek's disease in chicken"          IMMUNOGENETICS,          vol. 44, - 1996 pages 242-245,          XP002074407          see the whole document          ---</p>	1-10
X	<p>BERNOT A. ET AL.,: "Linkage of a new member of the lectin supergene family to chicken MHC genes"          IMMUNOGENETICS,          vol. 39, - 1994 pages 221-229,          XP002100550          See the whole document , esp. p.221, col. 1; p.222 col.1          ---</p>	7-10
X	<p>ZOOROB R. ET AL.,: "Chicken major histocompatibility complex class II B genes: analysis of interallelic and interlocus sequence variance"          EUR. J. IMMUNOL.,          vol. 23, - 1993 pages 1139-1145,          XP002074408          see the whole document          ---</p>	7-10
A	<p>VALLEJO R.L. ET AL.,: "Non-association between Rfp-Y major histocompatibility complex-like genes and susceptibility to Marek's disease virus induced tumours in 6.3x7.2 intercross chickens"          ANIMAL GENETICS,          vol. 28, - 5 October 1997 pages 331-337,          XP002074409          see the whole document          ---</p>	
		-/-

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/02501

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>KAUFMAN J. ET AL.,: "Different features of the MHC class I heterodimer have evolved at different rates" J. IMMUNOLOGY, vol. 148, - 1 March 1992 pages 1532-1546, XP002074410 see the whole document</p> <p>-----</p>	

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No  
PCT/FR 98/02501

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE  
CIB 6 C12Q1/68

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

## B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 6 C12Q

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

## C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "Physical linkage of a guanine nucleotide-binding protein-related gene to the chicken major histocompatibility complex"          PROC. NATL. ACAD. SCI. USA,          vol. 86, - juin 1989 pages 4594-4598,          XP002074404          le document en entier, esp. discussion</p> <p>---</p> <p>-/-</p>	1

Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

### \* Catégories spéciales de documents cités:

- "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- "X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- "Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- "&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

20 avril 1999

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

03/05/1999

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale  
 Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Müller, F

**RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE**

Demande internationale No

PCT/FR 98/02501

**C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS**

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	GUILLEMOT F. ET AL.,: "A molecular map of the chicken major histocompatibility complex: the class II beta genes are closely linked to the class I genes and the nucleolar organizer" THE EMBO JOURNAL, vol. 7, no. 9, - 1988 pages 2775-2785, XP002074405 le document en entier, esp. figure 1 et page 2783, 2. colonne ---	1
Y	MILLER M. M. ET AL.,: "Regions of homology shared by Rftp-Y and major histocompatibility B complex genes" IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 71-73, XP002074406 voir le document en entier ---	1-10
Y	WAKENELL P. S. ET AL.,: "Association between the Rfp-Y haplotype and the incidence of Marek's disease in chicken" IMMUNOGENETICS, vol. 44, - 1996 pages 242-245, XP002074407 voir le document en entier ---	1-10
X	BERNOT A. ET AL.,: "Linkage of a new member of the lectin supergene family to chicken MHC genes" IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 221-229, XP002100550 voir le doc. en entier, esp. p.221, col. 1; p.222 col.1 ---	7-10
X	ZOOROB R. ET AL.,: "Chicken major histocompatibility complex class II B genes: analysis of interallelic and interlocus sequence variance" EUR. J. IMMUNOL., vol. 23, - 1993 pages 1139-1145, XP002074408 voir le document en entier ---	7-10
A	VALLEJO R.L. ET AL.,: "Non-association between Rfp-Y major histocompatibility complex-like genes and susceptibility to Marek's disease virus induced tumours in 6.3x7.2 intercross chickens" ANIMAL GENETICS, vol. 28, - 5 octobre 1997 pages 331-337, XP002074409 voir le document en entier ---	-/--

## RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale N°

PCT/FR 98/02501

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités; avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	KAUFMAN J. ET AL.,: "Different features of the MHC class I heterodimer have evolved at different rates" J. IMMUNOLOGY, vol. 148, - 1 mars 1992 pages 1532-1546, XP002074410 voir le document en entier -----	